

10/PATS

09/673400
529 Rec'd PCT/PT 17 OCT 2000

VERIFICATION OF TRANSLATION

I, Melissa Stanford, a translator with Chillson Translating Service, 3530 Chas Drive, Hampstead, Maryland, 21074, hereby declare as follows:

That I am familiar with the German and English languages;

That I am capable of translating from German to English;

That the translation attached hereto is a true and accurate translation of German Application PCT/DE99/01178 titled, "Human Nucleic Acid Sequences from Hysteromyomic Tissue;"

That all statements made herein of my own knowledge are true and that all statements made on information and belief are believed to be true;

And further that these statements were made with the knowledge that willful false statements and the like so made are punishable by fine or imprisonment, or both, under Section 1001 of Title 18 of the United States Code and that such willful false statements may jeopardize the validity of the application or any registration resulting therefrom.

By Melissa Stanford

Executed this 11 day of Oct 2000.

Witness Anne Chalk

004816140
REGISTERED TRADEMARK

THIS PAGE BLANK (USPTO)

BUNDESREPUBLIK DEUTSCHLAND

E 3 U

**PRIORITY
DOCUMENT**
SUBMITTED OR TRANSMITTED IN
COMPLIANCE WITH RULE 17.1(a) OR (b)

REC'D 22 JUL 1999	
WIPO	PCT

**Bescheinigung**

DE 99/1178

Die metaGen Gesellschaft für Genomforschung mbH in Berlin/Deutschland hat eine Patentanmeldung unter der Bezeichnung

"Menschliche Nukleinsäuresequenzen aus Uterusmyomgewebe"

am 17. April 1998 beim Deutschen Patent- und Markenamt eingereicht.

Die angehefteten Stücke sind eine richtige und genaue Wiedergabe der ursprünglichen Unterlagen dieser Patentanmeldung.

Die Anmeldung hat im Deutschen Patent- und Markenamt vorläufig die Symbole C 07 K, A 61 K und C 07 H der Internationalen Patentklassifikation erhalten.

München, den 20. Mai 1999

Deutsches Patent- und Markenamt

Der Präsident

Im Auftrag

Keller

Patentzeichen: 198 17 947.2

Menschliche Nukleinsäuresequenzen aus Uterusmyomgewebe

Die Erfindung betrifft menschliche Nukleinsäuresequenzen aus Uterusmyomgewebe, die für Genprodukte oder Teile davon kodieren, deren funktionale Gene, die mindestens ein biologisch aktives Polypeptid kodieren und deren Verwendung.

Die Erfindung betrifft weiterhin die über die Sequenzen erhältlichen Polypeptide und deren Verwendung.

Eine der Hauptkrebstodesursachen bei Frauen ist das Uterusmyom, für dessen Bekämpfung neue Therapien notwendig sind. Bisher verwendete Therapien, wie z.B. Chemotherapie, Hormontherapie oder chirurgische Entfernung des Tumorgewebes, führen häufig nicht zu einer vollständigen Heilung.

Das Phänomen Krebs geht häufig einher mit der Über- oder Unterexpression gewisser Gene in den entarteten Zellen, wobei noch unklar ist, ob diese veränderten Expressionsraten Ursache oder Folge der malignen Transformation sind. Die Identifikation solcher Gene wäre ein wesentlicher Schritt für die Entwicklung neuer Therapien gegen Krebs. Der spontanen Entstehung von Krebs geht häufig eine Vielzahl von Mutationen voraus. Diese können verschiedenste Auswirkungen auf das Expressionsmuster in dem betroffenen Gewebe haben, wie z.B. Unter- oder Überexpression, aber auch Expression verkürzter Gene. Mehrere solcher Veränderungen durch solche Mutationskaskaden können schließlich zu bösartigen Entartungen führen. Die Komplexität solcher Zusammenhänge erschwert die experimentelle Herangehensweise sehr.

Für die Suche nach Kandidatengenen, d.h. Genen, die im Vergleich zum Tumorgewebe im normalen Gewebe stärker exprimiert werden, wird eine Datenbank verwendet, die aus sogenannten ESTs besteht. ESTs (Expressed Sequence Tags) sind Sequenzen von cDNAs, d.h. revers transkribierten mRNAs, den Molekülen also, die die Expression von Genen widerspiegeln. Die EST-Sequenzen werden für normale und entartete Gewebe ermittelt. Solche Datenbanken werden von verschiedenen Betreibern z.T. kommerziell angeboten. Die ESTs der LifeSeq-Datenbank, die hier verwendet wird, sind in der Regel zwischen 150 und 350 Nukleotide lang. Sie repräsentieren ein für ein bestimmtes Gen unverkennbares Muster, obwohl dieses Gen normalerweise sehr viel länger ist (> 2000 Nukleotide). Durch Vergleich der Expressionsmuster von normalen und Tumorgewebe können ESTs identifiziert werden, die für die Tumorentstehung und -proliferation wichtig sind. Es besteht jedoch folgendes Problem: Da durch unterschiedliche Konstruktionen der cDNA-Bibliotheken die gefundenen EST-Sequenzen zu unterschiedlichen Regionen eines unbekannten Gens gehören können, ergäbe sich in einem solchen Fall ein völlig falsches Verhältnis des Vorkommens dieser ESTs in dem jeweiligen Gewebe. Dieses würde erst bemerkt werden, wenn das vollständige Gen bekannt ist und somit die ESTs dem gleichen Gen zugeordnet werden können.

Es wurde nun gefunden, daß diese Fehlermöglichkeit verringert werden kann, wenn zuvor sämtliche ESTs aus dem jeweiligen Gewebstyp assembliert werden, bevor die Expressionsmuster miteinander verglichen werden. Es wurden also überlappende ESTs ein und desselben Gens zu längeren Sequenzen zusammengefaßt (s. Fig. 1, Fig. 2a und Fig.3). Durch diese Verlängerung und damit Abdeckung eines wesentlich größeren Genbereichs in jeder der jeweiligen Banken sollte der oben beschriebene Fehler weitgehendst vermieden werden. Da es hierzu keine bestehenden Softwareprodukte gab, wurden Programme für das Assemblieren von genomischen Abschnitten verwendet, die abgewandelt eingesetzt und durch eigene Programme ergänzt wurden. Ein Flowchart der Assemblierungsprozedur ist in Fig. 2b1 – 2b4 dargestellt.

Es konnten nun die Nukleinsäure-Sequenzen Seq. ID No 1 bis Seq. ID No. 31 gefunden werden, die als Kandidatengene beim Uterusmyom eine Rolle spielen.

5 Von besonderem Interesse sind die Nukleinsäure-Sequenzen Seq. ID Nos. 14-18, 30, 31.

10 Die Erfindung betrifft somit Nukleinsäure-Sequenzen, die ein Genprodukt oder ein Teil davon kodieren, umfassend

a) eine Nukleinsäure-Sequenz, ausgewählt aus der Gruppe der Nukleinsäure-Sequenzen Seq ID Nos. 14-18, 30, 31.

15

b) eine allelische Variation der unter a) genannten Nukleinsäure-Sequenzen

oder

c) eine Nukleinsäure-Sequenz, die komplementär zu den unter a) oder b) genannten Nukleinsäure-Sequenzen ist.

25 Die Erfindung betrifft weiterhin eine Nukleinsäure-Sequenz gemäß einer der Sequenzen Seq ID Nos 14-18, 30, 31 oder eine komplementäre oder allelische Variante davon und die Nukleinsäure-Sequenzen davon, die eine 90%ige bis 95% ige Homologie zu einer humanen Nukleinsäure-Sequenz aufweisen.

30 Die Erfindung betrifft auch die Nukleinsäure-Sequenzen Seq. ID No. 1 bis Seq. ID No. 31, die im Uterusmyom erhöht exprimiert sind.

35 Die Erfindung betrifft ferner Nukleinsäure-Sequenzen, umfassend einen Teil der oben genannten Nukleinsäure-Sequenzen, in solch einer ausreichenden Größe, daß sie mit den Sequenzen Seq. ID Nos 14-18, 30, 31 hybridisieren.

Die erfindungsgemäßen Nukleinsäure-Sequenzen weisen im allgemeinen eine Länge von mindestens 50 bis 4500 bp, vorzugsweise eine Länge von mindestens 150 bis 4000 bp, insbesondere eine Länge von 450 bis 3500 bp auf.

40

Mit den erfindungsgemäßen Teilsequenzen Seq. ID Nos. 14-18, 30, 31 können gemäß gängiger Verfahrenspraxis auch Expressionskassetten konstruiert werden, wobei auf der Kassette mindestens eine der erfindungsgemäßen Nukleinsäure-Sequenzen zusammen mit mindestens einer dem Fachmann allgemein bekannten Kontroll- oder regulatorischen Sequenz, wie z. B. einem geeigneten Promotor, kombiniert wird. Die erfindungsgemäßen Sequenzen können in sense oder antisense Orientierung eingefügt sein.

50 In der Literatur sind ist eine große Anzahl von Expressionskassetten bzw. Vektoren und Promotoren bekannt, die verwendet werden können.

Unter Expressionskassetten bzw. Vektoren sind zu verstehen: 1. bakterielle, wie z. B., phagescript, pBs, ϕ X174, pBluescript SK, pBs KS, pNH16a, pNH18a, pNH46a (Stratagene), pTrc99A, pKK223-3, pDR540, pRIT5 (Pharmacia),
 2. eukaryontische, wie z. B. pWLneo, pSV2cat, pOG44, pXT1, pSG (Stratagene),
 5 pSVK3, pBPV, pMSG, pSVL (Pharmacia).

Unter Kontroll- oder regulatorischer Sequenz sind geeignete Promotoren zu verstehen. Hierbei sind zwei bevorzugte Vektoren der pKK232-8 und der PCM7 Vektor. Im einzelnen sind folgende Promotoren gemeint: lacI, lacZ, T3, T7, gpt, lambda P_R, trc,
 10 CMV, HSV Thymidin-Kinase, SV40, LTRs aus Retrovirus und Maus Metallothionein-I.

Die auf der Expressionskassette befindlichen DNA-Sequenzen können ein Fusionsprotein kodieren, das ein bekanntes Protein und ein biologisch aktives Polypeptid-Fragment umfaßt.

15 Die Expressionskassetten sind ebenfalls Gegenstand der vorliegenden Erfindung.

Die erfindungsgemäßen Nukleinsäure-Fragmente können zur Herstellung von Vollängen-Genen verwendet werden. Die erhältlichen Gene sind ebenfalls Gegenstand der vorliegenden Erfindung.

Die Erfindung betrifft auch die Verwendung der erfindungsgemäßen Nukleinsäure-Sequenzen, sowie die aus der Verwendung erhältlichen Gen-Fragmente.

25 Die erfindungsgemäßen Nukleinsäure-Sequenzen können mit geeigneten Vektoren in Wirtszellen gebracht werden, in denen als heterologer Teil die auf den Nukleinsäure-Fragmenten enthaltene genetischen Information befindet, die exprimiert wird.

30 Die die Nukleinsäure-Fragmente enthaltenden Wirtszellen sind ebenfalls Gegenstand der vorliegenden Erfindung.

Geeignete Wirtszellen sind z. B. prokaryontische Zellsysteme wie E. coli oder eukaryontische Zellsysteme wie tierische oder humane Zellen oder Hefen.

35 Die erfindungsgemäßen Nukleinsäure-Sequenzen können in sense oder antisense Form verwendet werden.

Die Herstellung der Polypeptide oder deren Fragment erfolgt durch Kultivierung der Wirtszellen gemäß gängiger Kultivierungsmethoden und anschließender Isolierung und
 40 Aufreinigung der Peptide bzw. Fragmente, ebenfalls mittels gängiger Verfahren. Die Erfindung betrifft ferner Nukleinsäure-Sequenzen, die mindestens eine Teilsequenz eines biologisch aktiven Polypeptids kodieren.

45 Ferner betrifft die vorliegende Erfindung Polypeptid-Teilsequenzen, sogenannte ORF (open-reading-frame)-Peptide, gemäß den Sequenzprotokollen ORF ID Nos 32 - 51.

Die Erfindung betrifft ferner die Polypeptid-Sequenzen, die mindestens eine 80%ige Homologie, insbesondere eine 90%ige Homologie zu den erfindungsgemäßen Polypeptid-Teilsequenzen der ORF. ID Nos. 32-51 aufweisen.

Die Erfindung betrifft auch Antikörper, die gegen ein Polypeptid oder Fragment davon gerichtet sind, welche die erfindungsgemäßen Nukleinsäuren der Sequenzen Seq. ID No. 1-31 kodiert werden.

- 5 Unter Antikörper sind insbesondere monoklonale Antikörper und Phage-Display Antikörper zu verstehen.

Die erfindungsgemäßen Polypeptide der Sequenzen ORF ID Nos. 32 - 51 können auch als Tool zum Auffinden von Wirkstoffen gegen das Uteruskarzinom verwendet werden, was ebenfalls Gegenstand der vorliegenden Erfindung ist.

10 Ebenfalls Gegenstand der vorliegenden Erfindung ist die Verwendung der Nukleinsäure-Sequenzen gemäß den Sequenzen Seq. ID No. 1 bis Seq. ID No. 103 zur Expression von Polypeptiden, die als Tools zum Auffinden von Wirkstoffen gegen das Uteruskarzinom verwendet werden können.

Die Erfindung betrifft auch die Verwendung der gefundenen Polypeptid-Teilsequenzen ORF. ID No. 32 bis Seq. ID No. 51 als Arzneimittel in der Gentherapie zur Behandlung gegen das Uteruskarzinom, bzw. zur Herstellung eines Arzneimittels zur Behandlung gegen das Uteruskarzinom.

Die Erfindung betrifft auch Arzneimittel, die mindestens eine Polypeptid-Teilsequenz ORF. ID No. 32 bis 51 enthalten.

- 25 Die gefundenen erfindungsgemäßen Nukleinsäure-Sequenzen können auch genomische oder mRNA-Sequenzen sein.

Die Erfindung betrifft auch genomische Gene, ihre Exon- und Intronstruktur und deren Spleißvarianten, erhältlich aus den cDNAs der Sequenzen Seq. ID No. 1-31, sowie deren Verwendung zusammen mit geeigneten regulativen Elementen, wie geeigneten Promotoren und/ oder Enhancern.

35 Mit den erfindungsgemäßen Nukleinsäuren (cDNA-Sequenzen) Seq. ID. No. 1-31 werden genomische BAC-, PAC- und Cosmid-Bibliotheken gescreent und über komplementäre Basenpaarung (Hybridisierung) spezifisch humane Klone isoliert. Die so isolierten BAC-, PAC- und Cosmid-Klone werden mit Hilfe der Fluoreszenz-in-situ-Hybridisation auf Metaphasenchromosomen hybridisiert und entsprechende Chromosomenabschnitte identifiziert, auf denen die entsprechenden genomischen Gene liegen. BAC-, PAC- und Cosmid-Klone werden sequenziert, um die entsprechenden genomischen Gene in ihrer vollständigen Struktur (Promotoren, Enhancer, Silencer, Exons und Introns) aufzuklären. BAC-, PAC- und Cosmid-Klone können als eigenständige Moleküle für den Gentransfer eingesetzt werden (s. Fig. 5).

40 Die Erfindung betrifft auch BAC-, PAC- und Cosmid-Klone, enthaltend funktionelle Gene und ihre chromosomale Lokalisation, entsprechend den Sequenzen Seq. ID. No. 1-31, zur Verwendung als Vehikel zum Gentransfer.

45

Bedeutung n von Begriffen und Abkürzungen

Nukleinsäuren= Unter Nukleinsäuren sind in der vorliegenden Erfindung zu verstehen: mRNA, partielle cDNA, vollständigen cDNA und genomische Gene (Chromosomen).

ORF = Open Reading Frame, eine definierte Abfolge von Aminosäuren, die von der cDNA-Sequenz abgeleitet werden kann.

Contig = eine Menge von DNA-Sequenzen, die aufgrund sehr großer Ähnlichkeiten zu einer Sequenz zusammengefaßt werden können (Consensus)

Singleton= ein Contig, der nur eine Sequenz enthält

Erklärung zu den Alignmentparametern

minimal initial match= minimaler anfänglicher Identitätsbereich

maximum pads per read= maximale Anzahl von Insertionen

maximum percent mismatch= maximale Abweichung in %

Erklärung der Abbildungen

Fig. 1 zeigt die systematische Gen-Suche in der Incyte LifeSeq Datenbank.

Fig. 2a zeigt das Prinzip der EST-Assemblierung

Fig. 2b1-2b4 zeigt das gesamte Prinzip der EST-Assemblierung

Fig. 3 zeigt die in silico Subtraktion der Genexpression in verschiedenen Geweben

Fig. 4a zeigt die Bestimmung der gewebsspezifischen Expression über elektronischen Northern.

Fig. 4b zeigt den elektronischen Northern

Fig. 5 zeigt die Isolierung von genomischen BAC- und PAC-Klonen.

Die nachfolgenden Beispiele erläutern die Herstellung der erfindungsgemäßen Nukleinsäure-Sequenzen, ohne die Erfindung auf diese Beispiele und Nukleinsäure-Sequenzen zu beschränken.

Beispiel 1

Suche nach Tumor-bezogenen Kandidatengenomen

Zuerst wurden sämtliche ESTs des entsprechenden Gewebes aus der LifeSeq-Datenbank (vom Oktober 1997) extrahiert. Diese wurden dann mittels des Programms GAP4 des Staden-Pakets mit den Parametern 0% mismatch, 8 pads per read und einem minimalen match von 20 assembliert. Die nicht in die GAP4-Datenbank aufgenommenen Sequenzen (Fails) wurden erst bei 1% mismatch und dann nochmals bei 2% mismatch mit der Datenbank assembliert. Aus den Contigs der Datenbank, die aus mehr als einer Sequenz bestanden, wurden Consensussequenzen errechnet. Die Singletons der Datenbank, die nur aus einer Sequenz bestanden, wurden mit den nicht in die GAP4-Datenbank aufgenommenen Sequenzen bei 2% mismatch erneut assembliert. Wiederum wurden für die Contigs die Consensussequenzen ermittelt. Alle übrigen ESTs wurden bei 4% mismatch erneut assembliert. Die Consensussequenzen wurden abermals extrahiert und mit den vorherigen Consensussequenzen sowie den Singletons und den nicht in die Datenbank aufgenommenen Sequenzen abschließend bei 4% mismatch assembliert. Die Consensussequenzen wurden gebildet und mit den Singletons und Fails als Ausgangsbasis für die Gewebsvergleiche verwendet. Durch diese Prozedur konnte sichergestellt werden, daß unter den verwendeten Parametern sämtliche Sequenzen von einander unabhängige Genbereiche darstellten.

Fig. 2b1-2b4 veranschaulicht die Verlängerung der Uterusmyomgewebe ESTs.

Die so assemblierten Sequenzen der jeweiligen Gewebe wurden anschließend mittels des gleichen Programms miteinander verglichen (Fig. 3). Hierzu wurden erst alle Sequenzen des ersten Gewebes in die Datenbank eingegeben. (Daher war es wichtig, daß diese voneinander unabhängig waren.)

Dann wurden alle Sequenzen des zweiten Gewebes mit allen des ersten verglichen. Das Ergebnis waren Sequenzen, die für das erste bzw. das zweite Gewebe spezifisch waren, sowie welche, die in beiden vorkamen. Bei Letzteren wurde das Verhältnis der Häufigkeit des Vorkommens in den jeweiligen Geweben ausgewertet. Sämtliche, die Auswertung der assemblierten Sequenzen betreffenden Programme, wurden selbst entwickelt.

Alle Sequenzen, die mehr als viermal in jeweils einem der verglichenen Gewebe vorkamen, sowie alle, die mindestens fünfmal so häufig in einem der beiden Gewebe vorkamen wurden weiter untersucht. Diese Sequenzen wurden einem elektronischen Northern (s. Beispiel 2.1) unterzogen, wodurch die Verteilung in sämtlichen Tumor- und Normal-Geweben untersucht wurde (s. Fig. 4a und Fig. 4b). Die relevanten Kandidaten wurden dann mit Hilfe sämtlicher Incyte ESTs und allen ESTs öffentlicher Datenbanken verlängert (s. Beispiel 3). Anschließend wurden die Sequenzen und ihre Übersetzung in mögliche Proteine mit allen Nukleotid- und Proteindatenbanken verglichen, sowie auf mögliche, für Proteine kodierende Regionen untersucht.

B ispiel 2

Algorithmus zur Identifikation und Verlängerung von partiellen cDNA-Sequenzen mit v ränd rtem Expressionsmuster

Im folgenden soll ein Algorithmus zur Auffindung über- oder unterexprimierter Gene erläutert werden. Die einzelnen Schritte sind der besseren Übersicht halber auch in einem Flußdiagramm zusammengefaßt (s. Fig. 4b).

2.1 Elektronischer Northern-Blot

Zu einer partiellen DNA-Sequenz *S*, z. B. einem einzelnen EST oder einem Contig von ESTs, werden mittels eines Standardprogramms zur Homologiesuche, z. B. BLAST (Altschul, S. F., Gish W., Miller, W., Myers, E. W. und Lipman, D. J. (1990) *J. Mol. Biol.*, **215**, 403-410), BLAST2 (Altschul, S. F., Madden, T. L., Schäffer, A. A., Zhang, J., Zhang, Z., Miller, W. und Lipman, D. J. (1997) *Nucleic Acids Research* **25** 3389-3402) oder FASTA (Pearson, W. R. und Lipman, D. J. (1988) *Proc. Natl. Acad. Sci. USA* **85** 2444-2448), die homologen Sequenzen in verschiedenen nach Geweben geordneten (privaten oder öffentlichen) EST-Bibliotheken bestimmt. Die dadurch ermittelten (relativen oder absoluten) Gewebe-spezifischen Vorkommenshäufigkeiten dieser Partial-Sequenz *S* werden als elektronischer Northern-Blot bezeichnet.

2.1.1

Analog der unter 2.1 beschriebenen Verfahrensweise wurde die Sequenz Seq. ID No. 30 gefunden, die häufiger im Uterusmyomgewebe als im Normalgewebe vorkommt.

Das Ergebnis ist wie folgt:

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 30

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
Blase	0.0078	0.0000	undef	0.0000
Brust	0.0013	0.0000	undef	0.0000
Duennndarm	0.0092	0.0000	undef	0.0000
Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef
Endokrines_Gewebe	0.0034	0.0000	undef	0.0000
Gastrointestinal	0.0019	0.0000	undef	0.0000
Gehirn	0.0000	0.0000	undef	undef
Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
Herz	0.0011	0.0000	undef	0.0000
Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
Lunge	0.0010	0.0000	undef	0.0000
Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef	undef
Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
Prostata	0.0109	0.0021	5.1181	0.1954
Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
Uterus_Myometrium	0.0000	0.0340	0.0000	undef
Uterus_allgemein	0.0102	0.0000	undef	0.0000

	Brust-Hyperpl	0.0000
	Prostata-Hyperpl	0.0000
	Samenblase	0.0089
	Sinnesorgane	0.0000
5	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000
	Zervix	0.0000

	FOETUS	%Haeufigkeit
10	Entwicklung	0.0000
	Gastrointestinal	0.0000
	Gehirn	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000
15	Haut	0.0000
	Hepatisch	0.0000
	Herz-Blutgefuesse	0.0000
	Lunge	0.0000
	Nebenniere	0.0000
20	Niere	0.0000
	Placenta	0.0000
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN	%Haeufigkeit
25	Brust	0.0000
	Eierstock_n	0.0000
30	Eierstock_t	0.0000
	Endokrines_Gewebe	0.0000
	Foetal	0.0000
	Gastrointestinal	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000
35	Haut-Muskel	0.0000
	Hoden	0.0000
	Lunge	0.0000
	Nerven	0.0000
	Prostata	0.0068
40	Sinnesorgane	0.0000
	Uterus_n	0.0000

45 2.1.2

Analog der unter 2.1 beschriebenen Verfahrensweise wurde die Sequenz Seq. ID No. 31 gefunden, die .häufiger im Uterusmyomgewebe als im Normalgewebe vorkommt.

50

Das Ergebnis ist wie folgt:

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 31

		NORMAL	TUMOR	Vergleichen
		%Häufigkeit	%Häufigkeit	N/T T/N
5	Blase	0.0000	0.0051	0.0000 undef
	Brust	0.0038	0.0019	2.0416 0.4898
	Duennndarm	0.0031	0.0000	undef 0.0000
	Eierstock	0.0030	0.0104	0.2878 3.4745
	Endokrines Gewebe	0.0034	0.0100	0.3396 2.9444
10	Gastrointestinal	0.0057	0.0046	1.2425 0.8048
	Gehirn	0.0111	0.0051	2.1599 0.4630
	Haematopoetisch	0.0040	0.0000	undef 0.0000
	Haut	0.0000	0.0000	undef undef
	Hepatisch	0.0048	0.0000	undef 0.0000
15	Herz	0.0095	0.0000	undef 0.0000
	Hoden	0.0058	0.0000	undef 0.0000
	Lunge	0.0042	0.0102	0.4064 2.4605
	Magen-Speiseröhre	0.0000	0.0000	undef undef
	Muskel-Skelett	0.0034	0.0060	0.5711 1.7510
20	Niere	0.0163	0.0068	2.3791 0.4203
	Pankreas	0.0017	0.0000	undef 0.0000
	Penis	0.0090	0.0000	undef 0.0000
	Prostata	0.0022	0.0021	1.0236 0.9769
	Uterus_Endometrium	0.0135	0.0000	undef 0.0000
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0340	0.0000 undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef undef
	Brust-Hyperplasie	0.0224		
	Prostata-Hyperplasie	0.0030		
	Samenblase	0.0089		
30	Sinnesorgane	0.0000		
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0061		
	Zervix	0.0213		

35	FOETUS	
	%Häufigkeit	
	Entwicklung	0.0000
	Gastrointestinal	0.0028
	Gehirn	0.0125
40	Haematopoetisch	0.0000
	Haut	0.0000
	Hepatisch	0.0000
	Herz-Blutgefäesse	0.0036
	Lunge	0.0036
45	Nebenniere	0.0254
	Niere	0.0062
	Placenta	0.0303
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0126

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN	
	%Häufigkeit	
55	Brust	0.0000
	Eierstock_n	0.0000
	Eierstock_t	0.0000
	Endokrines_Gewebe	0.0000
	Foetal	0.0000
	Gastrointestinal	0.0000
60	Haematopoetisch	0.0000
	Haut-Muskel	0.0000
	Hoden	0.0000
	Lunge	0.0082
	Nerven	0.0000
65	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000
	Uterus_n	0.0000

70 In analoger Verfahrensweise wurden auch folgende Northern gefunden:

Elektronischer Nort für SEQ. ID. NO: 1

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0468	0.0562	0.8321	1.2018
	Brust	0.0576	0.0752	0.7656	1.3062
	Duennndarm	0.0766	0.0662	1.1586	0.8631
	Eierstock	0.0509	0.0650	0.7829	1.2774
10	Endokrines_Gewebe	0.0596	0.0702	0.8491	1.1778
	Gastrointestinal	0.0690	0.1203	0.5735	1.7438
	Gehirn	0.0850	0.0873	0.9741	1.0266
	Haematopoetisch	0.0722	0.0379	1.9056	0.5248
	Haut	0.0918	0.0000	undef	0.0000
15	Hepatisch	0.0143	0.1100	0.1298	7.7066
	Herz	0.1123	0.0275	4.0862	0.2447
	Hoden	0.0518	0.0819	0.6325	1.5809
	Lunge	0.1080	0.0879	1.2287	0.8138
	Magen-Speiseroehre	0.0676	0.0307	2.2059	0.4533
20	Muskel-Skelett	0.0737	0.0780	0.9445	1.0587
	Niere	0.0407	0.0890	0.4575	2.1857
	Pankreas	0.0463	0.0552	0.8376	1.1939
	Penis	0.0449	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0436	0.0554	0.7874	1.2700
25	Uterus_Endometrium	0.0338	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_Myometrium	0.0534	0.1426	0.3741	2.6732
	Uterus_allgemein	0.0255	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0863			
	Prostata-Hyperplasie	0.0535			
30	Samenblase	0.0890			
	Sinnesorgane	0.0588			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0772			
	Zervix	0.1171			

35		FOETUS	
		%Haeufigkeit	
	Entwicklung	0.0139	
	Gastrointestinal	0.0583	
40	Gehirn	0.0500	
	Haematopoetisch	0.0590	
	Haut	0.0000	
	Hepatisch	0.0000	
	Herz-Blutgefuesse	0.0462	
45	Lunge	0.0578	
	Nebenniere	0.0254	
	Niere	0.0679	
	Placenta	0.0545	
	Prostata	0.2493	
	Sinnesorgane	0.0000	

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN	
		%Haeufigkeit	
55	Brust	0.0204	
	Eierstock_n	0.1595	
	Eierstock_t	0.0051	
	Endokrines_Gewebe	0.0000	
	Foetal	0.0256	
60	Gastrointestinal	0.0488	
	Haematopoetisch	0.0000	
	Haut-Muskel	0.0227	
	Hoden	0.0154	
	Lunge	0.0082	
65	Nerven	0.0191	
	Prostata	0.0068	
	Sinnesorgane	0.0000	
	Uterus_n	0.0000	

Elektronischer Normen für SEQ. ID. NO: 2

		NORMAL	TUMOR	Verhältnisse	
		%Häufigkeit	%Häufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0039	0.0102	0.3814	2.6222
	Brust	0.0128	0.0038	3.4026	0.2939
	Duennndarm	0.0031	0.0165	0.1854	5.3946
	Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0017	0.0075	0.2264	4.4166
10	Gastrointestinal	0.0019	0.0093	0.2071	4.8289
	Gehirn	0.0022	0.0103	0.2160	4.6299
	Haematopoetisch	0.0040	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0065	0.0000	undef
15	Herz	0.0011	0.0137	0.0771	12.9706
	Hoden	0.0058	0.0000	undef	0.0000
	Lunge	0.0021	0.0082	0.2540	3.9367
	Magen-Speiseröhre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0120	0.0000	undef
20	Niere	0.0054	0.0000	undef	0.0000
	Pankreas	0.0000	0.0055	0.0000	undef
	Penis	0.0030	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0000	0.0021	0.0000	undef
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0528	0.0000	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0408	0.0000	undef
	Uterus_allgemein	0.0051	0.0954	0.0534	18.7357
	Brust-Hyperplasie	0.0064			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0089			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0009			
	Zervix	0.0000			

35		FOETUS	
		%Häufigkeit	
	Entwicklung	0.0974	
	Gastrointestinal	0.0333	
	Gehirn	0.0063	
40	Haematopoetisch	0.0157	
	Haut	0.0000	
	Hepatisch	0.0000	
	Herz-Blutgefäesse	0.0249	
	Lunge	0.0325	
45	Nebenniere	0.0761	
	Niere	0.0618	
	Placenta	0.0727	
	Prostata	0.0249	
	Sinnesorgane	0.0000	

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN	
		%Häufigkeit	
	Brust	0.0000	
55	Eierstock_n	0.0000	
	Eierstock_t	0.0000	
	Endokrines_Gewebe	0.0000	
	Foetal	0.0384	
	Gastrointestinal	0.0122	
60	Haematopoetisch	0.0000	
	Haut-Muskel	0.0259	
	Hoden	0.0000	
	Lunge	0.0328	
	Nerven	0.0171	
65	Prostata	0.0137	
	Sinnesorgane	0.0000	
	Uterus_n	0.0083	

Elektronischer North für SEQ. ID. NO: 3

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0000	0.0000	undef	undef
	Duennndarm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.1103	0.0000	undef
	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn	0.0140	0.0010	13.6792	0.0731
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0000	0.0000	undef	undef
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0815	0.0000	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0030			
30	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			

35		FOETUS	
		%Haeufigkeit	
	Entwicklung	0.0000	
	Gastrointestinal	0.0028	
40	Gehirn	0.0000	
	Haematopoetisch	0.0000	
	Haut	0.0000	
	Hepatisch	0.0000	
	Herz-Blutgefuesse	0.0000	
45	Lunge	0.0000	
	Nebenniere	0.0000	
	Niere	0.0000	
	Placenta	0.0000	
	Prostata	0.0000	
	Sinnesorgane	0.0000	

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN	
		%Haeufigkeit	
55	Brust	0.0000	
	Eierstock_n	0.0000	
	Eierstock_t	0.0000	
	Endokrines_Gewebe	0.0000	
	Foetal	0.0000	
60	Gastrointestinal	0.0000	
	Haematopoetisch	0.0000	
	Haut-Muskel	0.0000	
	Hoden	0.0000	
	Lunge	0.0000	
65	Nerven	0.0090	
	Prostata	0.0137	
	Sinnesorgane	0.0000	
	Uterus_n	0.0000	

Elektronischer N ern für SEQ. ID. NO: 4

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0078	0.0077	1.0170	0.9833
	Brust	0.0026	0.0038	0.6805	1.4694
	Duenndarm	0.0031	0.0165	0.1854	5.3946
	Eierstock	0.0060	0.0026	2.3025	0.4343
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Gastrointestinal	0.0000	0.0046	0.0000	undef
	Gehirn	0.0007	0.0031	0.2400	4.1669
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0000	0.1695	0.0000	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0065	0.0000	undef
15	Herz	0.0095	0.0412	0.2313	4.3235
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0021	0.0041	0.5080	1.9684
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0077	0.0000	undef
	Muskel-Skelett	0.0017	0.0120	0.1428	7.0040
20	Niere	0.0027	0.0000	undef	0.0000
	Pankreas	0.0033	0.0055	0.5983	1.6714
	Penis	0.0030	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0000	0.0021	0.0000	undef
	Uterus_Endometrium	0.0068	0.0000	undef	0.0000
25	Uterus_Myometrium	0.0152	0.0883	0.1727	5.7919
	Uterus_allgemein	0.0051	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0032			
	Prostata-Hyperplasie	0.0030			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0118			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			

		FOETUS
		%Haeufigkeit
35	Entwicklung	0.0278
	Gastrointestinal	0.0139
	Gehirn	0.0000
40	Haematopoetisch	0.0000
	Haut	0.0000
	Hepatisch	0.0000
	Herz-Blutgefuesse	0.0213
	Lunge	0.0253
45	Nebenniere	0.0000
	Niere	0.0185
	Placenta	0.0061
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
		%Haeufigkeit
55	Brust	0.0068
	Eierstock_n	0.0000
	Eierstock_t	0.0000
	Endokrines_Gewebe	0.0000
	Foetal	0.0093
	Gastrointestinal	0.0122
60	Haematopoetisch	0.0000
	Haut-Muskel	0.0130
	Hoden	0.0000
	Lunge	0.0000
	Nerven	0.0000
65	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000
	Uterus_n	0.0000

Elektronischer North für SEQ. ID. NO: 5

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0390	0.0332	1.1734	0.8522
	Brust	0.0345	0.0414	0.8352	1.1973
	Duennndarm	0.0399	0.0662	0.6024	1.6599
	Eierstock	0.0359	0.0546	0.6579	1.5201
	Endokrines Gewebe	0.0528	0.0351	1.5040	0.6649
10	Gastrointestinal	0.0172	0.0185	0.9319	1.0731
	Gehirn	0.0214	0.0359	0.5965	1.6763
	Haematopoetisch	0.0294	0.0379	0.7763	1.2881
	Haut	0.0257	0.1695	0.1516	6.5954
	Hepatisch	0.0476	0.0323	1.4706	0.6800
15	Herz	0.0276	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0633	0.0234	2.7059	0.3696
	Lunge	0.0312	0.0266	1.1724	0.8530
	Magen-Speiseroehre	0.0387	0.0153	2.5211	0.3967
	Muskel-Skelett	0.0308	0.0360	0.8567	1.1673
20	Niere	0.0326	0.0548	0.5948	1.6813
	Pankreas	0.0132	0.0221	0.5983	1.6714
	Penis	0.0479	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0153	0.0319	0.4777	2.0934
	Uterus_Endometrium	0.0473	0.0528	0.8962	1.1158
25	Uterus_Myometrium	0.0305	0.1019	0.2993	3.3415
	Uterus_allgemein	0.0560	0.1908	0.2936	3.4065
	Brust-Hyperplasie	0.0448			
	Prostata-Hyperplasie	0.0446			
	Samenblase	0.1513			
30	Sinnesorgane	0.0235			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0061			
	Zervix	0.0426			

35		FOETUS	
		%Haeufigkeit	
	Entwicklung	0.0974	
	Gastrointestinal	0.0222	
	Gehirn	0.0000	
40	Haematopoetisch	0.0197	
	Haut	0.0000	
	Hepatisch	0.0000	
	Herz-Blutgefuesse	0.0356	
	Lunge	0.0325	
45	Nebenniere	0.0000	
	Niere	0.0185	
	Placenta	0.0909	
	Prostata	0.1496	
	Sinnesorgane	0.0126	

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN	
		%Haeufigkeit	
	Brust	0.0136	
55	Eierstock_n	0.0000	
	Eierstock_t	0.0051	
	Endokrines_Gewebe	0.0000	
	Foetal	0.0099	
	Gastrointestinal	0.0122	
60	Haematopoetisch	0.0000	
	Haut-Muskel	0.0324	
	Hoden	0.0231	
	Lunge	0.0328	
	Nerven	0.0131	
65	Prostata	0.0068	
	Sinnesorgane	0.0077	
	Uterus_n	0.0208	

Elektronischer Normen für SEQ. ID. NO: 6

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0429	0.1278	0.3356	2.9798
	Brust	0.1036	0.1203	0.8613	1.1610
	Duenndarm	0.0215	0.0992	0.2163	4.6240
	Eierstock	0.0599	0.0702	0.8528	1.1726
	Endokrines_Gewebe	0.0783	0.0426	1.8380	0.5441
10	Gastrointestinal	0.0249	0.0786	0.3167	3.1574
	Gehirn	0.0429	0.1284	0.3341	2.9935
	Haematopoetisch	0.0227	0.1136	0.2000	5.0008
	Haut	0.0844	0.1695	0.4982	2.0073
	Hepatisch	0.0523	0.0712	0.7353	1.3600
15	Herz	0.0922	0.1649	0.5590	1.7890
	Hoden	0.0460	0.0585	0.7872	1.2704
	Lunge	0.0447	0.0797	0.5601	1.7853
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0537	0.0000	undef
	Muskel-Skelett	0.1490	0.1380	1.0801	0.9258
20	Niere	0.0489	0.0479	1.0196	0.9808
	Pankreas	0.0149	0.1049	0.1417	7.0571
	Penis	0.0509	0.1333	0.3819	2.6187
	Prostata	0.0196	0.0319	0.6142	1.6282
	Uterus_Endometrium	0.0676	0.1583	0.4268	2.3432
25	Uterus_Myometrium	0.0381	0.3260	0.1169	8.5541
	Uterus_allgemein	0.0560	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0863			
	Prostata-Hyperplasie	0.0297			
	Samenblase	0.0089			
30	Sinnesorgane	0.0353			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0078			
	Zervix	0.0213			

35	FOETUS	
	%Haeufigkeit	
	Entwicklung	0.1670
	Gastrointestinal	0.1444
	Gehirn	0.0125
40	Haematopoetisch	0.0629
	Haut	0.0000
	Hepatisch	0.0000
	Herz-Blutgefuesse	0.0889
	Lunge	0.0759
45	Nebenniere	0.2535
	Niere	0.1112
	Placenta	0.1091
	Prostata	0.1247
	Sinnesorgane	0.1004

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN	
	%Haeufigkeit	
55	Brust	0.0476
	Eierstock_n	0.1595
	Eierstock_t	0.0203
	Endokrines_Gewebe	0.0000
	Foetal	0.0379
	Gastrointestinal	0.0122
60	Haematopoetisch	0.0000
	Haut-Muskel	0.0486
	Hoden	0.0077
	Lunge	0.0164
	Nerven	0.0251
65	Prostata	0.0068
	Sinnesorgane	0.0155
	Uterus_n	0.0167

Elektronischer North für SEQ. ID. NO: 7

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0117	0.0051	2.2882	0.4370
	Brust	0.0128	0.0075	1.7013	0.5878
	Duenndarm	0.0153	0.0331	0.4634	2.1579
	Eierstock	0.0150	0.0104	1.4391	0.6949
	Endokrines_Gewebe	0.0085	0.0050	1.6981	0.5889
10	Gastrointestinal	0.0096	0.0278	0.3451	2.8974
	Gehirn	0.0059	0.0113	0.5236	1.9098
	Haematopoetisch	0.0254	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0257	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0143	0.0194	0.7353	1.3600
15	Herz	0.0106	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0058	0.0234	0.2460	4.0652
	Lunge	0.0104	0.0245	0.4234	2.3620
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0051	0.0360	0.1428	7.0040
20	Niere	0.0244	0.0068	3.5687	0.2802
	Pankreas	0.0083	0.0000	undef	0.0000
	Penis	0.0180	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0218	0.0064	3.4121	0.2931
	Uterus_Endometrium	0.0135	0.0000	undef	0.0000
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0408	0.0000	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0192			
	Prostata-Hyperplasie	0.0030			
	Samenblase	0.0089			
30	Sinnesorgane	0.0235			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0208			
	Zervix	0.0213			

35		FOETUS	
		%Haeufigkeit	
	Entwicklung	0.0278	
	Gastrointestinal	0.0083	
	Gehirn	0.0125	
40	Haematopoetisch	0.0000	
	Haut	0.0000	
	Hepatisch	0.0000	
	Herz-Blutgefuesse	0.0071	
	Lunge	0.0036	
45	Nebenniere	0.0000	
	Niere	0.0309	
	Placenta	0.0061	
	Prostata	0.0249	
	Sinnesorgane	0.0000	

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN	
		%Haeufigkeit	
	Brust	0.0000	
55	Eierstock_n	0.0000	
	Eierstock_t	0.0101	
	Endokrines_Gewebe	0.0245	
	Foetal	0.0093	
	Gastrointestinal	0.0122	
60	Haematopoetisch	0.0342	
	Haut-Muskel	0.0097	
	Hoden	0.0154	
	Lunge	0.0082	
	Nerven	0.0080	
65	Prostata	0.0000	
	Sinnesorgane	0.0000	
	Uterus_n	0.0042	

Elektronischer Katalog für SEQ. ID. NO: 8

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0312	0.0460	0.6780	1.4750
	Brust	0.0192	0.0282	0.6805	1.4694
	Duennndarm	0.0368	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0210	0.0364	0.5756	1.7372
	Endokrines_Gewebe	0.0290	0.0326	0.8882	1.1258
10	Gastrointestinal	0.0460	0.0231	1.9880	0.5030
	Gehirn	0.0532	0.0585	0.9094	1.0996
	Haematopoetisch	0.0361	0.0379	0.9528	1.0496
	Haut	0.0367	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0048	0.0647	0.0735	13.5999
15	Herz	0.0699	0.0412	1.6961	0.5896
	Hoden	0.0288	0.4210	0.0683	14.6349
	Lunge	0.0343	0.0368	0.9314	1.0737
	Magen-Speiseroehre	0.0773	0.0230	3.3614	0.2975
	Muskel-Skelett	0.0497	0.0660	0.7528	1.3283
20	Niere	0.0353	0.1575	0.2241	4.4619
	Pankreas	0.0165	0.0939	0.1760	5.6828
	Penis	0.0299	0.0267	1.1232	0.8903
	Prostata	0.0196	0.0298	0.6580	1.5197
	Uterus_Endometrium	0.0270	0.1583	0.1707	5.8579
25	Uterus_Myometrium	0.0229	0.0679	0.3367	2.9702
	Uterus_allgemein	0.0051	0.0954	0.0534	18.7357
	Brust-Hyperplasie	0.0192			
	Prostata-Hyperplasie	0.0505			
	Samenblase	0.0890			
30	Sinnesorgane	0.0353			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0399			
	Zervix	0.0319			

35	FOETUS	
	%Haeufigkeit	
	Entwicklung	0.0417
	Gastrointestinal	0.0333
	Gehirn	0.0313
40	Haematopoetisch	0.0197
	Haut	0.0000
	Hepatisch	0.0000
	Herz-Blutgefuesse	0.0783
	Lunge	0.0217
45	Nebenniere	0.0507
	Niere	0.0309
	Placenta	0.0727
	Prostata	0.0997
	Sinnesorgane	0.0000

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN	
	%Haeufigkeit	
55	Brust	0.0000
	Eierstock_n	0.0000
	Eierstock_t	0.0152
	Endokrines_Gewebe	0.0000
	Foetal	0.0082
	Gastrointestinal	0.0244
60	Haematopoetisch	0.0057
	Haut-Muskel	0.0032
	Hoden	0.0077
	Lunge	0.0082
	Nerven	0.0141
65	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0310
	Uterus_n	0.0125

Elektronischer Nort für SEQ. ID. NO: 9

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0468	0.0204	2.2882	0.4370
	Brust	0.0205	0.0451	0.4537	2.2042
	Duennndarm	0.0307	0.0331	0.9268	1.0789
	Eierstock	0.0539	0.0468	1.1513	0.8686
10	Endokrines_Gewebe	0.0562	0.0527	1.0674	0.9369
	Gastrointestinal	0.0249	0.0324	0.7692	1.3001
	Gehirn	0.0333	0.0318	1.0451	0.9568
	Haematopoetisch	0.0388	0.0379	1.0234	0.9772
	Haut	0.0257	0.1695	0.1516	6.5954
15	Hepatisch	0.0095	0.0259	0.3676	2.7200
	Herz	0.0540	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0173	0.0702	0.2460	4.0652
	Lunge	0.0291	0.0491	0.5927	1.6872
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0230	0.0000	undef
20	Muskel-Skelett	0.0206	0.1140	0.1803	5.5448
	Niere	0.0733	0.0274	2.6765	0.3736
	Pankreas	0.0264	0.0331	0.7977	1.2536
	Penis	0.0269	0.0533	0.5054	1.9786
	Prostata	0.0501	0.0341	1.4715	0.6796
25	Uterus_Endometrium	0.0541	0.2639	0.2049	4.8816
	Uterus_Myometrium	0.0152	0.0611	0.2494	4.0097
	Uterus_allgemein	0.0204	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0512			
	Prostata-Hyperplasie	0.0386			
30	Samenblase	0.0623			
	Sinnesorgane	0.0470			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0286			
	Zervix	0.0426			

		FOETUS
		%Haeufigkeit
35	Entwicklung	0.0557
	Gastrointestinal	0.0666
40	Gehirn	0.0626
	Haematopoetisch	0.0786
	Haut	0.0000
	Hepatisch	0.0260
	Herz-Blutgefuesse	0.0818
45	Lunge	0.0867
	Nebenniere	0.0761
	Niere	0.0432
	Placenta	0.0606
	Prostata	0.0249
	Sinnesorgane	0.0628

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
		%Haeufigkeit
55	Brust	0.0068
	Eierstock_n	0.1595
	Eierstock_t	0.0051
	Endokrines_Gewebe	0.0245
	Foetal	0.0256
60	Gastrointestinal	0.0732
	Haematopoetisch	0.0057
	Haut-Muskel	0.0551
	Hoden	0.0309
	Lunge	0.0737
65	Nerven	0.0231
	Prostata	0.0137
	Sinnesorgane	0.0310
	Uterus_n	0.0333

Elektronischer Normen für SEQ. ID. NO: 10

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.1131	0.1431	0.7900	1.2659
	Brust	0.1356	0.1692	0.8015	1.2476
	Duenndarm	0.1962	0.0165	11.8636	0.0843
	Eierstock	0.1827	0.2446	0.7471	1.3385
	Endokrines_Gewebe	0.1090	0.1329	0.8202	1.2192
10	Gastrointestinal	0.1878	0.2590	0.7248	1.3797
	Gehirn	0.1035	0.1325	0.7814	1.2798
	Haematopoetisch	0.2700	0.1894	1.4257	0.7014
	Haut	0.1358	0.0847	1.6028	0.6239
	Hepatisch	0.0428	0.1812	0.2363	4.2311
15	Herz	0.2586	0.0137	18.8118	0.0532
	Hoden	0.0633	0.1403	0.4510	2.2174
	Lunge	0.3231	0.2229	1.4495	0.6899
	Magen-Speiserohre	0.1643	0.2147	0.7653	1.3066
	Muskel-Skelett	0.1970	0.0960	2.0524	0.4872
20	Niere	0.1222	0.2328	0.5248	1.9055
	Pankreas	0.0876	0.1767	0.4955	2.0183
	Penis	0.1407	0.1600	0.8798	1.1366
	Prostata	0.1003	0.0766	1.3080	0.7645
	Uterus_Endometrium	0.1824	0.0528	3.4569	0.2893
25	Uterus_Myometrium	0.1677	0.3804	0.4409	2.2681
	Uterus_allgemein	0.2292	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0735			
	Prostata-Hyperplasie	0.0684			
	Samenblase	0.1335			
30	Sinnesorgane	0.0470			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.2749			
	Zervix	0.0958			

35		FOETUS	
		%Haeufigkeit	
	Entwicklung	0.0139	
	Gastrointestinal	0.0639	
	Gehirn	0.1063	
40	Haematopoetisch	0.1258	
	Haut	0.2513	
	Hepatisch	0.0260	
	Herz-Blutgefuesse	0.0712	
	Lunge	0.1517	
45	Nebenniere	0.0000	
	Niere	0.0988	
	Placenta	0.0909	
	Prostata	0.1745	
	Sinnesorgane	0.0377	

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN	
		%Haeufigkeit	
	Brust	0.0136	
55	Eierstock_n	0.3190	
	Eierstock_t	0.0709	
	Endokrines_Gewebe	0.0000	
	Foetal	0.0326	
	Gastrointestinal	0.1464	
60	Haematopoetisch	0.0000	
	Haut-Muskel	0.1328	
	Hoden	0.0154	
	Lunge	0.2211	
	Nerven	0.0311	
65	Prostata	0.0410	
	Sinnesorgane	0.0000	
	Uterus_n	0.0333	

Elektronischer Nort für SEQ. ID. NO: 11

		NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse N/T T/N
5	Blase	0.0156	0.0051	3.0509 0.3278
	Brust	0.0064	0.0113	0.5671 1.7633
	Duennndarm	0.0031	0.0000	undef 0.0000
	Eierstock	0.0240	0.0234	1.0233 0.9772
10	Endokrines_Gewebe	0.0068	0.0100	0.6792 1.4722
	Gastrointestinal	0.0096	0.0046	2.0708 0.4829
	Gehirn	0.0022	0.0257	0.0864 11.5747
	Haematopoetisch	0.0147	0.0000	undef 0.0000
	Haut	0.0110	0.0000	undef 0.0000
15	Hepatisch	0.0238	0.0065	3.6765 0.2720
	Herz	0.0276	0.0275	1.0023 0.9977
	Hoden	0.0000	0.0117	0.0000 undef
	Lunge	0.0083	0.0245	0.3387 2.9526
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0077	0.0000 undef
20	Muskel-Skelett	0.0086	0.0060	1.4278 0.7004
	Niere	0.0081	0.0616	0.1322 7.5658
	Pankreas	0.0165	0.0000	undef 0.0000
	Penis	0.0120	0.0267	0.4493 2.2259
	Prostata	0.0065	0.0085	0.7677 1.3026
25	Uterus_Endometrium	0.0270	0.0000	undef 0.0000
	Uterus_Myometrium	0.0076	0.0951	0.0802 12.4748
	Uterus_allgemein	0.0968	0.0000	undef 0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0096		
	Prostata-Hyperplasie	0.0089		
30	Samenblase	0.0089		
	Sinnesorgane	0.0706		
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000		
	Zervix	0.0106		

35

	FOETUS %Haeufigkeit
Entwicklung	0.0139
Gastrointental	0.0278
40	Gehirn 0.0000
	Haematopoetisch 0.0708
	Haut 0.0000
	Hepatisch 0.0000
	Herz-Blutgefuesse 0.0320
45	Lunge 0.0036
	Nebenniere 0.0000
	Niere 0.0124
	Placenta 0.2121
	Prostata 0.0000
	Sinnesorgane 0.0000

NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN

	%Haeufigkeit
55	Brust 0.0000
	Eierstock_n 0.0000
	Eierstock_t 0.0000
	Endokrines_Gewebe 0.0000
	Foetal 0.0233
60	Gastrointestinal 0.0244
	Haematopoetisch 0.0000
	Haut-Muskel 0.0648
	Hoden 0.0000
	Lunge 0.0164
65	Nerven 0.0010
	Prostata 0.0068
	Sinnesorgane 0.0000
	Uterus_n 0.0083

Elektronischer Normen für SEQ. ID. NO: 12

		NORMAL	TUMOR	Verhältnisse	
		%Häufigkeit	%Häufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0351	0.3093	0.1135	8.8135
	Brust	0.0269	0.0470	0.5716	1.7493
	Duennndarm	0.0092	0.0662	0.1390	7.1929
	Eierstock	0.0569	0.0182	3.1248	0.3200
	Endokrines_Gewebe	0.0528	0.0502	1.0528	0.9498
10	Gastrointestinal	0.0019	0.0093	0.2071	4.8289
	Gehirn	0.0022	0.0873	0.0254	39.3541
	Haematopoetisch	0.0147	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0220	0.5085	0.0433	23.0839
	Hepatisch	0.0285	0.0582	0.4902	2.0400
15	Herz	0.0191	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0115	0.0000	undef	0.0000
	Lunge	0.0114	0.0061	1.8628	0.5368
	Magen-Speiseröhre	0.0193	0.0077	2.5211	0.3967
	Muskel-Skelett	0.0771	0.0540	1.4278	0.7004
20	Niere	0.0489	0.0137	3.5687	0.2802
	Pankreas	0.0264	0.0442	0.5983	1.6714
	Penis	0.0090	0.1066	0.0842	11.8713
	Prostata	0.0000	0.0064	0.0000	undef
	Uterus_Endometrium	0.0743	0.0000	undef	0.0000
25	Uterus_Myometrium	0.0381	0.1494	0.2551	3.9206
	Uterus_allgemein	0.0153	0.0954	0.1601	6.2452
	Brust-Hyperplasie	0.0096			
	Prostata-Hyperplasie	0.0059			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0118			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			

35	FOETUS	
	%Häufigkeit	
	Entwicklung	0.0696
	Gastrointestinal	0.4387
	Gehirn	0.0000
40	Haematopoetisch	0.2713
	Haut	0.0000
	Hepatisch	1.6121
	Herz-Blutgefäesse	0.0605
	Lunge	0.1770
45	Nebenniere	1.1663
	Niere	0.8092
	Placenta	0.7635
	Prostata	0.0499
	Sinnesorgane	0.0000

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN	
	%Häufigkeit	
55	Brust	0.0612
	Eierstock_n	0.0000
	Eierstock_t	0.1114
	Endokrines_Gewebe	0.0000
	Foetal	0.4665
	Gastrointestinal	0.0000
60	Haematopoetisch	0.0000
	Haut-Muskel	0.0000
	Hoden	0.0000
	Lunge	0.0000
	Nerven	0.0030
65	Prostata	0.0068
	Sinnesorgane	0.0000
	Uterus_n	0.0291

Elektronischer North für SEQ. ID. NO: 13

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0078	0.0204	0.3814	2.6222
	Brust	0.0256	0.0432	0.5918	1.6899
	Duennndarm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0060	0.0078	0.7675	1.3029
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0050	0.0000	undef
10	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn	0.0074	0.0216	0.3428	2.9168
	Haematopoetisch	0.0013	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0073	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0021	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0115	0.0468	0.2460	4.0652
	Lunge	0.0031	0.0082	0.3810	2.6245
	Magen-Speiseroehre	0.0580	0.0000	undef	0.0000
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0300	0.0000	undef
20	Niere	0.0027	0.0000	undef	0.0000
	Pankreas	0.0033	0.0276	0.1197	8.3571
	Penis	0.0210	0.1066	0.1966	5.0877
	Prostata	0.0022	0.0043	0.5118	1.9538
	Uterus_Endometrium	0.0135	0.0000	undef	0.0000
25	Uterus_Myometrium	0.0305	0.0883	0.3453	2.8959
	Uterus_allgemein	0.0102	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0160			
	Prostata-Hyperplasie	0.0059			
	Samenblase	0.0356			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0035			
	Zervix	0.0639			

35	FOETUS	
	%Haeufigkeit	
	Entwicklung	0.0000
	Gastrointestinal	0.0028
	Gehirn	0.0000
40	Haematopoetisch	0.0000
	Haut	0.0000
	Hepatisch	0.0000
	Herz-Blutgefuesse	0.0000
	Lunge	0.0145
45	Nebenniere	0.0761
	Niere	0.0247
	Placenta	0.0061
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN	
	%Haeufigkeit	
55	Brust	0.0408
	Eierstock_n	0.0000
	Eierstock_t	0.1266
	Endokrines_Gewebe	0.0000
	Foetal	0.0047
	Gastrointestinal	0.0000
60	Haematopoetisch	0.0057
	Haut-Muskel	0.0032
	Hoden	0.0000
	Lunge	0.0000
	Nerven	0.0030
65	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000
	Uterus_n	0.0208

Elektronischer Normkern für SEQ. ID. NO: 14

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0195	0.0051	3.8136	0.2622
	Brust	0.0051	0.0132	0.3889	2.5715
	Duennndarm	0.0061	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0150	0.0130	1.1513	0.8686
	Endokrines_Gewebe	0.0153	0.0150	1.0189	0.9815
10	Gastrointestinal	0.0115	0.0000	undef	0.0000
	Gehirn	0.0133	0.0133	0.9969	1.0031
	Haematopoetisch	0.0174	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0147	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0194	0.0000	undef
15	Herz	0.0265	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0058	0.0000	undef	0.0000
	Lunge	0.0042	0.0164	0.2540	3.9367
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0077	0.0000	undef
	Muskel-Skelett	0.0069	0.0540	0.1269	7.8795
20	Niere	0.0217	0.0274	0.7930	1.2610
	Pankreas	0.0165	0.0055	2.9915	0.3343
	Penis	0.0090	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0087	0.0170	0.5118	1.9538
	Uterus_Endometrium	0.0338	0.2111	0.1600	6.2484
25	Uterus_Myometrium	0.0076	0.0475	0.1603	6.2374
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0320			
	Prostata-Hyperplasie	0.0238			
	Samenblase	0.0267			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0069			
	Zervix	0.0213			

		FOETUS
		%Haeufigkeit
35	Entwicklung	0.0417
	Gastrointenstinal	0.0139
	Gehirn	0.0125
40	Haematopoetisch	0.0157
	Haut	0.0000
	Hepatisch	0.0000
	Herz-Blutgefuesse	0.0427
	Lunge	0.0253
45	Nebenniere	0.0000
	Niere	0.0124
	Placenta	0.0121
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0126

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
		%Haeufigkeit
55	Brust	0.0068
	Eierstock_n	0.0000
	Eierstock_t	0.0051
	Endokrines_Gewebe	0.0245
	Foetal	0.0035
	Gastrointestinal	0.0244
60	Haematopoetisch	0.0000
	Haut-Muskel	0.0065
	Hoden	0.0000
	Lunge	0.0082
	Nerven	0.0050
65	Prostata	0.0137
	Sinnesorgane	0.0155
	Uterus_n	0.0042

Elektronischer North für SEQ. ID. NO: 15

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0078	0.0102	0.7627	1.3111
	Brust	0.0026	0.0150	0.1701	5.8778
	Duennndarm	0.0184	0.0496	0.3707	2.6973
	Eierstock	0.0000	0.0052	0.0000	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0025	0.0000	undef
10	Gastrointestinal	0.0000	0.0093	0.0000	undef
	Gehirn	0.0007	0.0072	0.1029	9.7228
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0037	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0032	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0058	0.0000	undef	0.0000
	Lunge	0.0021	0.0041	0.5080	1.9684
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0307	0.0000	undef
	Muskel-Skelett	0.0086	0.0240	0.3569	2.8016
20	Niere	0.0027	0.0000	undef	0.0000
	Pankreas	0.0000	0.0055	0.0000	undef
	Penis	0.0240	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0065	0.0021	3.0709	0.3256
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0340	0.0000	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0096			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0118			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			

35	FOETUS	
	%Haeufigkeit	
	Entwicklung	0.0139
	Gastrointestinal	0.0000
	Gehirn	0.0000
40	Haematopoetisch	0.0039
	Haut	0.0000
	Hepatisch	0.0000
	Herz-Blutgefuesse	0.0036
	Lunge	0.0036
45	Nebenniere	0.0000
	Niere	0.0000
	Placenta	0.0000
	Prostata	0.0249
	Sinnesorgane	0.0000

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN	
	%Haeufigkeit	
55	Brust	0.0000
	Eierstock_n	0.0000
	Eierstock_t	0.0000
	Endokrines_Gewebe	0.0000
	Foetal	0.0000
	Gastrointestinal	0.0000
60	Haematopoetisch	0.0000
	Haut-Muskel	0.0000
	Hoden	0.0000
	Lunge	0.0000
	Nerven	0.0020
65	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000
	Uterus_n	0.0125

Elektronischer Normkern für SEQ. ID. NO: 16

		NORMAL		TUMOR		Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit		%Haeufigkeit		N/T	T/N
5	Blase	0.0039		0.0153		0.2542	3.9333
	Brust	0.0077		0.0038		2.0416	0.4898
	Duennndarm	0.0123		0.0000		undef	0.0000
	Eierstock	0.0060		0.0026		2.3025	0.4343
	Endokrines_Gewebe	0.0119		0.0251		0.4755	2.1032
10	Gastrointestinal	0.0096		0.0139		0.6903	1.4487
	Gehirn	0.0163		0.0246		0.6600	1.5152
	Haematopoetisch	0.0040		0.0000		undef	0.0000
	Haut	0.0110		0.0000		undef	0.0000
	Hepatisch	0.0095		0.0065		1.4706	0.6800
15	Herz	0.0180		0.0000		undef	0.0000
	Hoden	0.0000		0.0117		0.0000	undef
	Lunge	0.0135		0.0082		1.6511	0.6057
	Magen-Speiseroehre	0.0000		0.0153		0.0000	undef
	Muskel-Skelett	0.0069		0.0060		1.1422	0.8755
20	Niere	0.0000		0.0000		undef	undef
	Pankreas	0.0033		0.0276		0.1197	8.3571
	Penis	0.0090		0.0267		0.3369	2.9678
	Prostata	0.0196		0.0128		1.5354	0.6513
	Uterus_Endometrium	0.0068		0.0000		undef	0.0000
25	Uterus_Myometrium	0.0000		0.0408		0.0000	undef
	Uterus_allgemein	0.0357		0.0000		undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0128					
	Prostata-Hyperplasie	0.0089					
	Samenblase	0.0267					
30	Sinnesorgane	0.0000					
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000					
	Zervix	0.0000					

35	FOETUS	
	%Haeufigkeit	
	Entwicklung	0.0000
	Gastrointestinal	0.0000
	Gehirn	0.0375
40	Haematopoetisch	0.0039
	Haut	0.0000
	Hepatisch	0.0000
	Herz-Blutgefuesse	0.0071
	Lunge	0.0036
45	Nebenniere	0.0507
	Niere	0.0124
	Placenta	0.0061
	Prostata	0.0249
	Sinnesorgane	0.0000

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN	
	%Haeufigkeit	
	Brust	0.0000
55	Eierstock_n	0.0000
	Eierstock_t	0.0000
	Endokrines_Gewebe	0.0000
	Foetal	0.0012
	Gastrointestinal	0.0122
60	Haematopoetisch	0.0000
	Haut-Muskel	0.0097
	Hoden	0.0000
	Lunge	0.0082
	Nerven	0.0050
65	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000
	Uterus_n	0.0083

Elektronischer North für SEQ. ID. NO: 17

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0195	0.0179	1.0896	0.9178
	Brust	0.0307	0.0338	0.9074	1.1021
	Duennndarm	0.0184	0.0165	1.1122	0.8991
	Eierstock	0.0509	0.0286	1.7792	0.5620
	Endokrines_Gewebe	0.0375	0.0301	1.2453	0.8030
10	Gastrointestinal	0.0153	0.0093	1.6567	0.6036
	Gehirn	0.0222	0.0452	0.4909	2.0372
	Haematopoetisch	0.0160	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0661	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0143	0.0518	0.2757	3.6266
15	Herz	0.0636	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0173	0.0117	1.4759	0.6775
	Lunge	0.0177	0.0532	0.3322	3.0104
	Magen-Speiserohre	0.0483	0.0000	undef	0.0000
	Muskel-Skelett	0.0137	0.0960	0.1428	7.0040
20	Niere	0.0217	0.0685	0.3172	3.1524
	Pankreas	0.0264	0.0055	4.7864	0.2089
	Penis	0.0449	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0283	0.0341	0.8317	1.2024
	Uterus_Endometrium	0.0135	0.0000	undef	0.0000
25	Uterus_Myometrium	0.0229	0.0679	0.3367	2.9702
	Uterus_allgemein	0.0051	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0671			
	Prostata-Hyperplasie	0.0476			
	Samenblase	0.0356			
30	Sinnesorgane	0.0353			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0121			
	Zervix	0.0532			

35	FOETUS	
	%Haeufigkeit	
	Entwicklung	0.0557
	Gastrointestinal	0.0278
	Gehirn	0.0688
40	Haematopoetisch	0.0275
	Haut	0.0000
	Hepatisch	0.0000
	Herz-Blutgefuesse	0.0534
	Lunge	0.0831
45	Nebenniere	0.1014
	Niere	0.0741
	Placenta	0.0182
	Prostata	0.1247
	Sinnesorgane	0.0000

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN	
	%Haeufigkeit	
55	Brust	0.0000
	Eierstock_n	0.0000
	Eierstock_t	0.0203
	Endokrines_Gewebe	0.0490
	Foetal	0.0169
	Gastrointestinal	0.0122
60	Haematopoetisch	0.0000
	Haut-Muskel	0.0259
	Hoden	0.0000
	Lunge	0.0082
	Nerven	0.0050
65	Prostata	0.0068
	Sinnesorgane	0.0000
	Uterus_n	0.0167

Elektronischer Normen für SEQ. ID. NO: 18

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0195	0.0179	1.0896	0.9178
	Brust	0.0371	0.0357	1.0387	0.9627
	Duennndarm	0.0245	0.0331	0.7415	1.3487
	Eierstock	0.0479	0.0390	1.2280	0.8143
	Endokrines_Gewebe	0.0358	0.0326	1.0972	0.9114
10	Gastrointestinal	0.0153	0.0093	1.6567	0.6036
	Gehirn	0.0229	0.0524	0.4376	2.2851
	Haematopoetisch	0.0147	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0587	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0143	0.0518	0.2757	3.6266
15	Herz	0.0593	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0115	0.0117	0.9839	1.0163
	Lunge	0.0145	0.0491	0.2964	3.3743
	Magen-Speiserohre	0.0290	0.0000	undef	0.0000
	Muskel-Skelett	0.0120	0.1140	0.1052	9.5055
20	Niere	0.0299	0.0616	0.4846	2.0634
	Pankreas	0.0281	0.0055	5.0855	0.1966
	Penis	0.0449	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0349	0.0319	1.0919	0.9159
	Uterus_Endometrium	0.0203	0.0000	undef	0.0000
25	Uterus_Myometrium	0.0152	0.0679	0.2245	4.4553
	Uterus_allgemein	0.0051	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0576			
	Prostata-Hyperplasie	0.0446			
	Samenblase	0.0356			
30	Sinnesorgane	0.0235			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0130			
	Zervix	0.0532			

35	FOETUS	
	%Haeufigkeit	
	Entwicklung	0.0417
	Gastrointestinal	0.0333
	Gehirn	0.0688
40	Haematopoetisch	0.0275
	Haut	0.0000
	Hepatisch	0.0000
	Herz-Blutgefuesse	0.0427
	Lunge	0.0867
45	Nebenniere	0.1268
	Niere	0.0741
	Placenta	0.0182
	Prostata	0.1247
	Sinnesorgane	0.0000

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN	
	%Haeufigkeit	
	Brust	0.0000
55	Eierstock_n	0.0000
	Eierstock_t	0.0253
	Endokrines_Gewebe	0.0245
	Foetal	0.0326
	Gastrointestinal	0.0122
60	Haematopoetisch	0.0000
	Haut-Muskel	0.0518
	Hoden	0.0000
	Lunge	0.0082
	Nerven	0.0090
65	Prostata	0.0137
	Sinnesorgane	0.0000
	Uterus_n	0.0208

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 19

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0351	0.0332	1.0561	0.9469
	Brust	0.0269	0.0376	0.7146	1.3995
	Duennndarm	0.0337	0.0992	0.3398	2.9425
	Eierstock	0.0240	0.0312	0.7675	1.3029
	Endokrines_Gewebe	0.0409	0.0075	5.4340	0.1840
10	Gastrointestinal	0.0268	0.0971	0.2761	3.6217
	Gehirn	0.0059	0.0113	0.5236	1.9098
	Haematopoetisch	0.0013	0.2273	0.0059	170.0273
	Haut	0.0330	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0095	0.0388	0.2451	4.0800
15	Herz	0.0223	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0173	0.0351	0.4920	2.0326
	Lunge	0.0395	0.0900	0.4388	2.2792
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0077	0.0000	undef
	Muskel-Skelett	0.0857	0.1920	0.4462	2.2413
20	Niere	0.0136	0.0205	0.6609	1.5132
	Pankreas	0.0198	0.0221	0.8974	1.1143
	Penis	0.0629	0.0800	0.7862	1.2719
	Prostata	0.0087	0.0106	0.8189	1.2211
25	Uterus_Endometrium	0.0676	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_Myometrium	0.0686	0.1630	0.4208	2.3761
	Uterus_allgemein	0.0153	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0735			
	Prostata-Hyperplasie	0.0416			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0235			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0426			

35	FOETUS	
	%Haeufigkeit	
	Entwicklung	0.1113
	Gastrointestinal	0.0056
	Gehirn	0.0000
40	Haematopoetisch	0.0039
	Haut	0.0000
	Hepatisch	0.0000
	Herz-Blutgefuesse	0.0356
	Lunge	0.0289
45	Nebenniere	0.0000
	Niere	0.0062
	Placenta	0.1333
	Prostata	0.0249
	Sinnesorgane	0.0000

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN	
	%Haeufigkeit	
55	Brust	0.0204
	Eierstock_n	0.0000
	Eierstock_t	0.0000
	Endokrines_Gewebe	0.0000
	Foetal	0.0111
	Gastrointestinal	0.0244
60	Haematopoetisch	0.0000
	Haut-Muskel	0.0065
	Hoden	0.0000
	Lunge	0.0000
	Nerven	0.0000
65	Prostata	0.0068
	Sinnesorgane	0.0077
	Uterus_n	0.0125

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 20

70

	NORMAL	TUMOR	Verhältnisse
	%Häufigkeit	%Häufigkeit	N T/N
5	Blase 0.0858	0.1048	0.8185 1.2217
	Brust 0.1036	0.1729	0.5992 1.6690
	Duennndarm 0.1226	0.1158	1.0593 0.9441
	Eierstock 0.0958	0.1197	0.8009 1.2486
	Endokrines_Gewebe 0.0954	0.1128	0.8453 1.1830
	Gastrointestinal 0.0900	0.1573	0.5725 1.7466
10	Gehirn 0.0658	0.0924	0.7120 1.4046
	Haematopoetisch 0.1109	0.0758	1.4645 0.6828
	Haut 0.0918	0.0000	undef 0.0000
	Hepatisch 0.0333	0.0906	0.3676 2.7200
	Herz 0.2120	0.0412	5.1398 0.1946
15	Hoden 0.0690	0.3625	0.1904 5.2509
	Lunge 0.0696	0.1186	0.5869 1.7040
	Magen-Speiseroehre 0.0483	0.0460	1.0504 0.9520
	Muskel-Skelett 0.0702	0.2820	0.2491 4.0145
	Niere 0.0652	0.1027	0.6344 1.5762
20	Pankreas 0.1140	0.1270	0.8974 1.1143
	Penis 0.1018	0.0000	undef 0.0000
	Prostata 0.1090	0.1277	0.8530 1.1723
	Uterus_Endometrium 0.1149	0.0000	undef 0.0000
	Uterus_Myometrium 0.0686	0.2106	0.3258 3.0692
25	Uterus_allgemein 0.0458	0.1908	0.2402 4.1635
	Brust-Hyperplasie 0.1279		
	Prostata-Hyperplasie 0.1159		
	Samenblase 0.1157		
	Sinnesorgane 0.1059		
30	Weisse_Blutkoerperchen 0.0832		
	Zervix 0.1278		

	FOETUS
	%Häufigkeit
35	Entwicklung 0.0557
	Gastrointestinal 0.2471
	Gehirn 0.2189
	Haematopoetisch 0.1612
40	Haut 0.0000
	Hepatisch 0.1560
	Herz-Blutgefäesse 0.2633
	Lunge 0.1012
	Nebenniere 0.1014
45	Niere 0.1112
	Placenta 0.0848
	Prostata 0.3740
	Sinnesorgane 0.0126

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
	%Häufigkeit
55	Brust 0.0136
	Eierstock_n 0.1595
	Eierstock_t 0.0658
	Endokrines_Gewebe 0.0000
	Foetal 0.0216
	Gastrointestinal 0.0732
	Haematopoetisch 0.0057
60	Haut-Muskel 0.0259
	Hoden 0.0000
	Lunge 0.1638
	Nerven 0.0211
	Prostata 0.0205
65	Sinnesorgane 0.0000
	Uterus_n 0.0333

Elektronischer North für SEQ. ID. NO: 21

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0273	0.0102	2.6695	0.3746
	Brust	0.0051	0.0019	2.7221	0.3674
	Duennndarm	0.0276	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0180	0.0000	undef	0.0000
	Endokrines_Gewebe	0.0136	0.0000	undef	0.0000
10	Gastrointestinal	0.0134	0.0046	2.8992	0.3449
	Gehirn	0.0015	0.0164	0.0900	11.1117
	Haematopoetisch	0.0053	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0147	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0048	0.0000	undef	0.0000
15	Herz	0.0106	0.0412	0.2570	3.8912
	Hoden	0.0000	0.0117	0.0000	undef
	Lunge	0.0052	0.0102	0.5080	1.9684
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0223	0.0060	3.7122	0.2694
20	Niere	0.0081	0.0000	undef	0.0000
	Pankreas	0.0033	0.0276	0.1197	8.3571
	Penis	0.0030	0.0267	0.1123	8.9035
	Prostata	0.0022	0.0043	0.5118	1.9538
25	Uterus_Endometrium	0.0135	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_Myometrium	0.0381	0.1019	0.3741	2.6732
	Uterus_allgemein	0.0102	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0032			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0089			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0130			
	Zervix	0.0106			

35	FOETUS	
	%Haeufigkeit	
	Entwicklung	0.0000
	Gastrointestinal	0.0111
	Gehirn	0.0000
40	Haematopoetisch	0.0157
	Haut	0.0000
	Hepatisch	0.0000
	Herz-Blutgefuesse	0.0107
	Lunge	0.0000
45	Nebenniere	0.0000
	Niere	0.0247
	Placenta	0.0000
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN	
	%Haeufigkeit	
55	Brust	0.0204
	Eierstock_n	0.0000
	Eierstock_t	0.0101
	Endokrines_Gewebe	0.0490
	Foetal	0.0093
	Gastrointestinal	0.0122
60	Haematopoetisch	0.0057
	Haut-Muskel	0.0421
	Hoden	0.0154
	Lunge	0.0000
	Nerven	0.0010
65	Prostata	0.0274
	Sinnesorgane	0.0000
	Uterus_n	0.0000

Elektronischer N ern für SEQ. ID. NO: 22

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0102	0.0000	undef
	Brust	0.0064	0.0207	0.3093	3.2328
	Duenndarm	0.0153	0.0662	0.2317	4.3157
	Eierstock	0.0180	0.0156	1.1513	0.8686
	Endokrines_Gewebe	0.0204	0.0351	0.5822	1.7176
10	Gastrointestinal	0.0153	0.0231	0.6627	1.5090
	Gehirn	0.0510	0.0257	1.9871	0.5032
	Haematopoetisch	0.0134	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0367	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0095	0.0000	undef	0.0000
15	Herz	0.0466	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0117	0.0000	undef
	Lunge	0.0249	0.0348	0.7172	1.3943
	Magen-Speiserohre	0.0193	0.0077	2.5211	0.3967
	Muskel-Skelett	0.0377	0.0300	1.2564	0.7959
20	Niere	0.0244	0.0274	0.8922	1.1209
	Pankreas	0.0083	0.0166	0.4986	2.0057
	Penis	0.0329	0.0267	1.2355	0.8094
	Prostata	0.0131	0.0149	0.8774	1.1397
	Uterus_Endometrium	0.0338	0.0000	undef	0.0000
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0340	0.0000	undef
	Uterus_allgemein	0.0153	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0256			
	Prostata-Hyperplasie	0.0238			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0069			
	Zervix	0.0213			

35		FOETUS	
		%Haeufigkeit	
	Entwicklung	0.0139	
	Gastrointestinal	0.0194	
	Gehirn	0.0125	
40	Haematopoetisch	0.0039	
	Haut	0.0000	
	Hepatisch	0.0000	
	Herz-Blutgefuesse	0.0320	
	Lunge	0.0434	
45	Nebenniere	0.0000	
	Niere	0.0124	
	Placenta	0.0061	
	Prostata	0.0000	
	Sinnesorgane	0.0251	

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN	
		%Haeufigkeit	
55	Brust	0.0000	
	Eierstock_n	0.3190	
	Eierstock_t	0.0000	
	Endokrines_Gewebe	0.0000	
	Foetal	0.0373	
	Gastrointestinal	0.0000	
60	Haematopoetisch	0.0114	
	Haut-Muskel	0.0680	
	Hoden	0.0231	
	Lunge	0.0000	
	Nerven	0.0211	
65	Prostata	0.0205	
	Sinnesorgane	0.0077	
	Uterus_n	0.0458	

Elektronischer North für SEQ. ID. NO: 23

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0741	0.0639	1.1593	0.8626
	Brust	0.0691	0.0827	0.8352	1.1973
	Duenndarm	0.0245	0.0496	0.4943	2.0230
	Eierstock	0.0689	0.0494	1.3936	0.7176
	Endokrines_Gewebe	0.2487	0.5191	0.4791	2.0873
10	Gastrointestinal	0.0421	0.0879	0.4796	2.0852
	Gehirn	0.1700	0.1037	1.6395	0.6099
	Haematopoetisch	0.0695	0.0758	0.9175	1.0899
	Haut	0.0367	0.4237	0.0866	11.5419
	Hepatisch	0.0143	0.0388	0.3676	2.7200
15	Herz	0.0668	0.1375	0.4857	2.0588
	Hoden	0.0460	0.0468	0.9839	1.0163
	Lunge	0.0592	0.0470	1.2590	0.7943
	Magen-Speiserohre	0.1160	0.0690	1.6807	0.5950
	Muskel-Skelett	0.0754	0.0960	0.7853	1.2735
20	Niere	0.0706	0.0479	1.4728	0.6790
	Pankreas	0.0677	0.0552	1.2265	0.8153
	Penis	0.0988	0.0267	3.7064	0.2698
	Prostata	0.0697	0.0660	1.0566	0.9464
25	Uterus_Endometrium	0.0608	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_Myometrium	0.0152	0.0611	0.2494	4.0097
	Uterus_allgemein	0.1120	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0480			
	Prostata-Hyperplasie	0.0565			
	Samenblase	0.0445			
30	Sinnesorgane	0.0823			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0824			
	Zervix	0.0852			

35		FOETUS	
		%Haeufigkeit	
	Entwicklung	0.1113	
	Gastrointestinal	0.0805	
	Gehirn	0.1376	
40	Haematopoetisch	0.1140	
	Haut	0.0000	
	Hepatisch	0.0520	
	Herz-Blutgefuesse	0.0996	
	Lunge	0.1951	
45	Nebenniere	0.1268	
	Niere	0.1359	
	Placenta	0.1030	
	Prostata	0.0748	
	Sinnesorgane	0.0879	

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN	
		%Haeufigkeit	
	Brust	0.0544	
55	Eierstock_n	0.0000	
	Eierstock_t	0.0203	
	Endokrines_Gewebe	0.0245	
	Foetal	0.0309	
	Gastrointestinal	0.0610	
60	Haematopoetisch	0.0000	
	Haut-Muskel	0.0356	
	Hoden	0.0077	
	Lunge	0.0655	
	Nerven	0.0783	
65	Prostata	0.0547	
	Sinnesorgane	0.0000	
	Uterus_n	0.0083	

Elektronischer Nachhaken für SEQ. ID. NO: 24

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0546	0.0332	1.6428	0.6087
	Brust	0.0269	0.0320	0.8407	1.1896
	Duenndarm	0.0276	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0479	0.0546	0.8771	1.1401
	Endokrines Gewebe	0.0324	0.0176	1.8437	0.5424
10	Gastrointestinal	0.0211	0.0463	0.4556	2.1950
	Gehirn	0.0229	0.0277	0.8266	1.2097
	Haematopoetisch	0.0348	0.0379	0.9175	1.0899
	Haut	0.0184	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0190	0.0000	undef	0.0000
15	Herz	0.0477	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0230	0.1169	0.1968	5.0816
	Lunge	0.0156	0.0307	0.5080	1.9684
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0460	0.0000	undef
	Muskel-Skelett	0.0120	0.0480	0.2499	4.0023
20	Niere	0.0163	0.0068	2.3791	0.4203
	Pankreas	0.0182	0.0331	0.5484	1.8234
	Penis	0.0180	0.0800	0.2246	4.4517
	Prostata	0.0174	0.0170	1.0236	0.9769
	Uterus_Endometrium	0.0541	0.0000	undef	0.0000
25	Uterus_Myometrium	0.0229	0.0679	0.3367	2.9702
	Uterus_allgemein	0.0102	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0576			
	Prostata-Hyperplasie	0.0208			
	Samenblase	0.0089			
30	Sinnesorgane	0.0118			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0277			
	Zervix	0.0213			

35	FOETUS	
	%Haeufigkeit	
	Entwicklung	0.0278
	Gastrointestinal	0.0639
	Gehirn	0.0438
40	Haematopoetisch	0.0275
	Haut	0.0000
	Hepatisch	0.0000
	Herz-Blutgefuesse	0.0925
	Lunge	0.0831
45	Nebenniere	0.0000
	Niere	0.0803
	Placenta	0.0667
	Prostata	0.0249
	Sinnesorgane	0.0000

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN	
	%Haeufigkeit	
55	Brust	0.0000
	Eierstock_n	0.0000
	Eierstock_t	0.0000
	Endokrines_Gewebe	0.0000
	Foetal	0.0006
	Gastrointestinal	0.0122
60	Haematopoetisch	0.0000
	Haut-Muskel	0.0000
	Hoden	0.0077
	Lunge	0.0000
	Nerven	0.0040
65	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000
	Uterus_n	0.0000

Elektronischer North für SEQ. ID. NO: 25

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0429	0.0486	0.8832	1.1323
	Brust	0.0435	0.0771	0.5643	1.7720
	Duenndarm	0.0307	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0389	0.0833	0.4677	2.1381
	Endokrines_Gewebe	0.0460	0.0301	1.5283	0.6543
10	Gastrointestinal	0.0287	0.0971	0.2958	3.3803
	Gehirn	0.0347	0.0534	0.6507	1.5367
	Haematopoetisch	0.0869	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0551	0.0847	0.6498	1.5389
	Hepatisch	0.0143	0.0194	0.7353	1.3600
15	Herz	0.0466	0.0137	3.3923	0.2948
	Hoden	0.0173	0.0935	0.1845	5.4203
	Lunge	0.0457	0.0613	0.7451	1.3421
	Magen-Speiserohre	0.0290	0.0153	1.8908	0.5289
	Muskel-Skelett	0.0223	0.1140	0.1954	5.1183
20	Niere	0.0407	0.0137	2.9739	0.3363
	Pankreas	0.0314	0.0442	0.7105	1.4075
	Penis	0.0779	0.0533	1.4601	0.6849
	Prostata	0.0458	0.0617	0.7412	1.3491
	Uterus_Endometrium	0.0473	0.0000	undef	0.0000
25	Uterus_Myometrium	0.0305	0.1087	0.2806	3.5642
	Uterus_allgemein	0.0357	0.0954	0.3736	2.6765
	Brust-Hyperplasie	0.0256			
	Prostata-Hyperplasie	0.0803			
	Samenblase	0.0801			
30	Sinnesorgane	0.0118			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0494			
	Zervix	0.0426			

35	FOETUS	
	%Haeufigkeit	
	Entwicklung	0.0417
	Gastrointestinal	0.0611
	Gehirn	0.0626
40	Haematopoetisch	0.0708
	Haut	0.0000
	Hepatisch	0.0260
	Herz-Blutgefuesse	0.0534
	Lunge	0.0542
45	Nebenniere	0.0761
	Niere	0.0988
	Placenta	0.0303
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0251

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN	
	%Haeufigkeit	
55	Brust	0.0204
	Eierstock_n	0.1595
	Eierstock_t	0.0101
	Endokrines_Gewebe	0.0000
	Foetal	0.0332
	Gastrointestinal	0.0000
60	Haematopoetisch	0.0000
	Haut-Muskel	0.0194
	Hoden	0.0077
	Lunge	0.0328
	Nerven	0.0161
65	Prostata	0.0068
	Sinnesorgane	0.0000
	Uterus_n	0.0291

Elektronischer Normkern für SEQ. ID. NO: 26

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0000	0.0000	undef	undef
	Duenn darm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef
	Endokrines_Gewebe	3.0675	0.0000	undef	0.0000
10	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn	0.0015	0.0000	undef	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0000	0.0000	undef	undef
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0340	0.0000	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			

35		FOETUS	
		%Haeufigkeit	
	Entwicklung	0.0000	
	Gastrointestinal	0.0028	
	Gehirn	0.0000	
40	Haematopoetisch	0.0000	
	Haut	0.0000	
	Hepatisch	0.0000	
	Herz-Blutgefuesse	0.0000	
	Lunge	0.0000	
45	Nebenniere	0.0000	
	Niere	0.0000	
	Placenta	0.0061	
	Prostata	0.0000	
	Sinnesorgane	0.0000	

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN	
		%Haeufigkeit	
	Brust	0.0000	
55	Eierstock_n	0.0000	
	Eierstock_t	0.0000	
	Endokrines_Gewebe	0.0000	
	Foetal	0.0070	
	Gastrointestinal	0.0000	
60	Haematopoetisch	0.0000	
	Haut-Muskel	0.0000	
	Hoden	0.0000	
	Lunge	0.0000	
	Nerven	0.0000	
65	Prostata	0.0000	
	Sinnesorgane	0.0155	
	Uterus_n	0.0250	

Elektronischer North für SEQ. ID. NO: 27

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0039	0.0230	0.1695	5.8999
	Brust	0.0179	0.0395	0.4537	2.2042
	Duennndarm	0.0061	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0300	0.0130	2.3025	0.4343
	Endokrines_Gewebe	0.0068	0.0251	0.2717	3.6805
10	Gastrointestinal	0.0077	0.0093	0.8283	1.2072
	Gehirn	0.0015	0.0092	0.1600	6.2504
	Haematopoetisch	0.0053	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0194	0.0000	undef
15	Herz	0.0032	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0083	0.0368	0.2258	4.4288
	Magen-Speiserohre	0.0290	0.0230	1.2605	0.7933
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0060	0.0000	undef
20	Niere	0.0136	0.0068	1.9826	0.5044
	Pankreas	0.0000	0.0276	0.0000	undef
	Penis	0.0030	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0065	0.0128	0.5118	1.9538
	Uterus_Endometrium	0.0473	0.0000	undef	0.0000
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0340	0.0000	undef
	Uterus_allgemein	0.0051	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0030			
	Samenblase	0.0089			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0213			

		FOETUS
		%Haeufigkeit
35	Entwicklung	0.0139
	Gastrointestinal	0.0278
	Gehirn	0.0125
40	Haematopoetisch	0.0079
	Haut	0.0000
	Hepatisch	0.0000
	Herz-Blutgefuesse	0.0320
	Lunge	0.0289
45	Nebenniere	0.0000
	Niere	0.0185
	Placenta	0.0000
	Prostata	0.0997
	Sinnesorgane	0.0000

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
		%Haeufigkeit
55	Brust	0.0000
	Eierstock_n	0.0000
	Eierstock_t	0.0304
	Endokrines_Gewebe	0.0245
	Foetal	0.0029
	Gastrointestinal	0.0122
60	Haematopoetisch	0.0114
	Haut-Muskel	0.0097
	Hoden	0.0000
	Lunge	0.0164
	Nerven	0.0020
65	Prostata	0.0068
	Sinnesorgane	0.0000
	Uterus_n	0.0000

Elektronischer Normen für SEQ. ID. NO: 28

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0195	0.0383	0.5085	1.9666
	Brust	0.0256	0.0714	0.3582	2.7919
	Duenn darm	0.0552	0.0331	1.6683	0.5994
	Eierstock	0.0270	0.0468	0.5756	1.7372
	Endokrines Gewebe	0.0477	0.0451	1.0566	0.9464
10	Gastrointestinal	0.0326	0.0324	1.0058	0.9942
	Gehirn	0.0503	0.0277	1.8132	0.5515
	Haematopoetisch	0.0201	0.1894	0.1059	9.4460
	Haut	0.0367	0.2542	0.1444	6.9252
	Hepatisch	0.0476	0.0388	1.2255	0.8160
15	Herz	0.0699	0.0550	1.2721	0.7861
	Hoden	0.0173	0.1403	0.1230	8.1305
	Lunge	0.0395	0.0818	0.4826	2.0720
	Magen-Speiserohre	0.0676	0.0613	1.1030	0.9066
	Muskel-Skelett	0.0394	0.0300	1.3135	0.7613
20	Niere	0.0462	0.0616	0.7490	1.3351
	Pankreas	0.0347	0.0607	0.5711	1.7510
	Penis	0.0509	0.1600	0.3182	3.1424
	Prostata	0.0327	0.0149	2.1935	0.4559
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0076	0.0543	0.1403	7.1284
	Uterus_allgemein	0.0357	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0192			
	Prostata-Hyperplasie	0.0565			
	Samenblase	0.0445			
30	Sinnesorgane	0.0941			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0390			
	Zervix	0.0319			

35	FOETUS	
	%Haeufigkeit	
	Entwicklung	0.0557
	Gastrointestinal	0.0194
	Gehirn	0.0188
40	Haematopoetisch	0.0197
	Haut	0.0000
	Hepatisch	0.0000
	Herz-Blutgefuesse	0.0320
	Lunge	0.0325
45	Nebenniere	0.0000
	Niere	0.0371
	Placenta	0.0242
	Prostata	0.0997
	Sinnesorgane	0.0000

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN	
	%Haeufigkeit	
	Brust	0.0340
55	Eierstock_n	0.0000
	Eierstock_t	0.0101
	Endokrines_Gewebe	0.0000
	Foetal	0.0396
	Gastrointestinal	0.0244
60	Haematopoetisch	0.0000
	Haut-Muskel	0.0778
	Hoden	0.0000
	Lunge	0.0000
	Nerven	0.0231
65	Prostata	0.0479
	Sinnesorgane	0.0697
	Uterus_n	0.0291

Elektronischer Northridge für SEQ. ID. NO: 29

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase 0.0663	0.0358	1.8523	0.5399
	Brust 0.0512	0.0489	1.0470	0.9551
	Duennndarm 0.0368	0.0496	0.7415	1.3487
	Eierstock 0.0779	0.0728	1.0690	0.9354
	Endokrines_Gewebe 0.0562	0.0326	1.7242	0.5800
10	Gastrointestinal 0.0345	0.0370	0.9319	1.0731
	Gehirn 0.0392	0.0524	0.7482	1.3366
	Haematopoetisch 0.0602	0.0379	1.5880	0.6297
	Haut 0.0587	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch 0.0095	0.0647	0.1471	6.7999
15	Herz 0.0583	0.0550	1.0601	0.9433
	Hoden 0.0173	0.1520	0.1135	8.8080
	Lunge 0.0208	0.0491	0.4234	2.3620
	Magen-Speiseroehre 0.0387	0.0460	0.8404	1.1900
	Muskel-Skelett 0.0360	0.0420	0.8567	1.1673
20	Niere 0.0380	0.0616	0.6168	1.6213
	Pankreas 0.0314	0.0884	0.3552	2.8150
	Penis 0.0689	0.0267	2.5833	0.3871
	Prostata 0.0436	0.0490	0.8901	1.1235
	Uterus_Endometrium 0.0541	0.0000	undef	0.0000
25	Uterus_Myometrium 0.0381	0.1155	0.3301	3.0296
	Uterus_allgemein 0.0815	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie 0.0831			
	Prostata-Hyperplasie 0.0446			
	Samenblase 0.0801			
30	Sinnesorgane 0.0353			
	Weisse_Blutkoerperchen 0.0520			
	Zervix 0.0532			

35	FOETUS
	%Haeufigkeit
	Entwicklung 0.0000
	Gastrointestinal 0.0389
	Gehirn 0.0188
40	Haematopoetisch 0.0472
	Haut 0.0000
	Hepatisch 0.0260
	Herz-Blutgefuesse 0.0498
	Lunge 0.0614
45	Nebenniere 0.0254
	Niere 0.0741
	Placenta 0.0364
	Prostata 0.0499
	Sinnesorgane 0.0000

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
	%Haeufigkeit
55	Brust 0.0000
	Eierstock_n 0.1595
	Eierstock_t 0.0203
	Endokrines_Gewebe 0.0000
	Foetal 0.0093
	Gastrointestinal 0.0366
60	Haematopoetisch 0.0000
	Haut-Muskel 0.0130
	Hoden 0.0000
	Lunge 0.0164
	Nerven 0.0120
65	Prostata 0.0205
	Sinnesorgane 0.0000
	Uterus_n 0.0208

Elektronischer N ern für SEQ. ID. NO: 30

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0078	0.0000	undef	0.0000
	Brust	0.0013	0.0000	undef	0.0000
	Duenndarm	0.0092	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0034	0.0000	undef	0.0000
10	Gastrointestinal	0.0019	0.0000	undef	0.0000
	Gehirn	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0011	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0010	0.0000	undef	0.0000
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0109	0.0021	5.1181	0.1954
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0340	0.0000	undef
	Uterus_allgemein	0.0102	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0089			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			

		FOETUS
		%Haeufigkeit
35	Entwicklung	0.0000
	Gastrointental	0.0000
	Gehirn	0.0000
40	Haematopoetisch	0.0000
	Haut	0.0000
	Hepatisch	0.0000
	Herz-Blutgefuesse	0.0000
	Lunge	0.0000
45	Nebenniere	0.0000
	Niere	0.0000
	Placenta	0.0000
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
		%Haeufigkeit
55	Brust	0.0000
	Eierstock_n	0.0000
	Eierstock_t	0.0000
	Endokrines_Gewebe	0.0000
	Foetal	0.0000
	Gastrointestinal	0.0000
60	Haematopoetisch	0.0000
	Haut-Muskel	0.0000
	Hoden	0.0000
	Lunge	0.0000
	Nerven	0.0000
65	Prostata	0.0068
	Sinnesorgane	0.0000
	Uterus_n	0.0000

Elektronischer Nort für SEQ. ID. NO: 31

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0051	0.0000	undef
	Brust	0.0038	0.0019	2.0416	0.4898
	Duennndarm	0.0031	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0030	0.0104	0.2878	3.4745
	Endokrines_Gewebe	0.0034	0.0100	0.3396	2.9444
10	Gastrointestinal	0.0057	0.0046	1.2425	0.8048
	Gehirn	0.0111	0.0051	2.1599	0.4630
	Haematopoetisch	0.0040	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0048	0.0000	undef	0.0000
15	Herz	0.0095	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0058	0.0000	undef	0.0000
	Lunge	0.0042	0.0102	0.4064	2.4605
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0034	0.0060	0.5711	1.7510
20	Niere	0.0163	0.0068	2.3791	0.4203
	Pankreas	0.0017	0.0000	undef	0.0000
	Penis	0.0090	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0022	0.0021	1.0236	0.9769
	Uterus_Endometrium	0.0135	0.0000	undef	0.0000
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0340	0.0000	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0224			
	Prostata-Hyperplasie	0.0030			
	Samenblase	0.0089			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0061			
	Zervix	0.0213			

		FOETUS
		%Haeufigkeit
35	Entwicklung	0.0000
	Gastrointestinal	0.0028
	Gehirn	0.0125
40	Haematopoetisch	0.0000
	Haut	0.0000
	Hepatisch	0.0000
	Herz-Blutgefuesse	0.0036
	Lunge	0.0036
45	Nebenniere	0.0254
	Niere	0.0062
	Placenta	0.0303
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0126

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
		%Haeufigkeit
55	Brust	0.0000
	Eierstock_n	0.0000
	Eierstock_t	0.0000
	Endokrines_Gewebe	0.0000
	Foetal	0.0000
	Gastrointestinal	0.0000
60	Haematopoetisch	0.0000
	Haut-Muskel	0.0000
	Hoden	0.0000
	Lunge	0.0082
	Nerven	0.0000
65	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000
	Uterus_n	0.0000

2.2 Fisher-T s

Um zu entscheiden, ob eine Partial-Sequenz S eines Gens in einer Bibliothek für Normal-Gewebe signifikant häufiger oder seltener vorkommt als in einer Bibliothek für entartetes Gewebe, wird Fishers Exakter Test, ein statistisches Standardverfahren (Hays, W. L., (1991) Statistics, Harcourt Brace College Publishers, Fort Worth), durchgeführt.

Die Null-Hypothese lautet: die beiden Bibliotheken können bezüglich der Häufigkeit zu S homologer Sequenzen nicht unterschieden werden. Falls die Null-Hypothese mit hinreichend hoher Sicherheit abgelehnt werden kann, wird das zu S gehörende Gen als interessanter Kandidat für ein Krebs-Gen akzeptiert, und es wird im nächsten Schritt versucht, eine Verlängerung seiner Sequenz zu erreichen.

Beispiel 3

Automatische Verlängerung der Partial-Sequenz

Die automatische Verlängerung der Partial-Sequenz S vollzieht sich in drei Schritten:

1. Ermittlung aller zu S homologen Sequenzen aus der Gesamtmenge der zur Verfügung stehenden Sequenzen mit Hilfe von BLAST
2. Assemblierung dieser Sequenzen mittels des Standardprogramms GAP4 (Bonfield, J. K., Smith, K. F., und Staden R. (1995), Nucleic Acids Research **23** 4992-4999) (Contig-Bildung).
3. Berechnung einer Konsens-Sequenz C aus den assemblierten Sequenzen

Die Konsens-Sequenz C wird im allgemeinen länger sein als die Ausgangssequenz S . Ihr elektronischer Northern-Blot wird demzufolge von dem für S abweichen. Ein erneuter Fisher-Test entscheidet, ob die Alternativ-Hypothese der Abweichung von einer gleichmäßigen Expression in beiden Bibliotheken aufrechterhalten werden kann. Ist dies der Fall, wird versucht, C in gleicher Weise wie S zu verlängern. Diese Iteration wird mit der jeweils erhaltenen Konsensus-Sequenzen C_i (i : Index der Iteration) fortgesetzt, bis die Alternativ-Hypothese verworfen wird (if H_0 Exit; Abbruchkriterium I) oder bis keine automatische Verlängerung mehr möglich ist (while $C_i > C_{i-1}$; Abbruchkriterium II).

Im Fall des Abbruchkriteriums II bekommt man mit der nach der letzten Iteration vorliegenden Konsens-Sequenz eine komplette oder annähernd komplette Sequenz eines Gens, das mit hoher statistischer Sicherheit mit Krebs in Zusammenhang gebracht werden kann.

Analog der oben beschriebenen Beispiele konnten die in der Tabelle I beschriebenen Nukleinsäure-Sequenzen aus Uterusmyomgewebe gefunden werden.

5 Ferner konnten zu einzelnen Nukleinsäure-Sequenzen die Peptidsequenzen (ORF's) bestimmt werden, die in der Tabelle II aufgeführt sind, wobei wenigen Nukleinsäure-Sequenzen kein Peptid zugeordnet werden kann und einigen Nukleinsäure-Sequenzen mehr als ein Peptid zugeordnet werden kann. Wie bereits oben erwähnt, sind sowohl die ermittelten Nukleinsäure-Sequenzen, als auch die den Nukleinsäure-Sequenzen zugeordneten Peptid-Sequenzen Gegenstand der vorliegenden Erfindung.

TABELLE I

Sequenz ID No.:	Wahrscheinlichkeit für eine spezif. Expression im Tumorgewebe	Funktion	Länge des Ausgangs-EST in Basen	Länge der angemeldeten Sequenz in Basen	Chromosomale Lokalisation
1	97,79	Human mRNA for ornithine decarboxylase antizyme	288	779	
2	96,72	Human MEST mRNA	276	2310	
3	99,94	Human cocaine and amphetamine regulated transcript CART (hCART)	243	854	
4	99,12	Human microfibril-associated glycoprotein (MFAP2)	291	1112	
5	96,43	Human mRNA for KIAA0108 gene	181	1051	
6	100,00	Human SPARC/osteonectin	238	1516	
7	96,72	Homo sapiens splicing factor, arginine/serine-rich 7 (SFRS7)	180	2367	
8	90,08	Human triosephosphate isomerase	268	568	
9	92,98	Human nuclear ribonucleoprotein particle (hnRNP) C	283	1775	
10	99,91	Human thymosin beta-4	277	509	
11	99,88	Human growth hormone-dependent insulin-like growth factor-binding protein mRNA	258	2191	
12	99,69	Human H19	313	1769	
13	94,47	Human cellular retinoic acid-binding protein II (CRABP)	248	1026	
14	92,61	unbekannt	273	676	
15	93,54	unbekannt	286	1254	
16	96,72	Homolog zu Homo sapiens mRNA for putatively prenylated protein	253	537	
17	90,08	unbekannt	260	823	
18	95,77	Humanes Homolog zu P. vivax pva1 gene	261	1082	
19	97,66	Human lumican mRNA	259	1548	
20	99,78	Human 37 kD laminin receptor precursor/p40 ribosome associated protein	192	844	
21	92,95	Human YMP	256	862	
22	93,54	Human NADH:ubiquinone oxidoreductase MLRQ subunit	302	546	
23	92,98	Human mRNA for coupling protein G(s) alpha-subunit	268	1591	
24	90,08	Human hnRNP core protein A1	266	441	
25	97,74	Human HMG-17 gene for non-histone chromosomal protein	273	1131	
26	93,54	H.sapiens mRNA for prolactin (clone PRL205)	324	1071	

Sequenz ID No.:	Wahrscheinlichkeit für eine spezif. Expression im Tumor- gewebe	Funktion	Länge des Ausgangs-EST in Basen	Länge der angemeldeten Sequenz in Basen	Chromosomal Lokalisation
27	93,54	Human mRNA for neurite outgrowth-promoting protein.	296	896	
28	95,82	H.sapiens mRNA for proliferation-associated gene (pag)	304	1050	
29	96,96	H.sapiens alpha NAC	315	581	
30	93,54	unbekannt	264	264	
31	93,54	unbekannt	111	111	

TABELLE II

DNA-Sequenzen
Seq. ID. No.

Protein-Sequenzen (ORF's)
Seq. ID. No.

5

14

32

33

34

15

35

36

37

16

38

39

17

40

41

42

18

43

44

45

30

46

47

31

48

49

50

51

Die erfinderischen Nukleinsäure-Sequenzen Seq. ID No. 1 bis Seq. ID No. 31 der
ermittelten Kandidatengene und die ermittelten Aminosäure-Sequenzen Seq. ID No. 32
bis Seq. ID No. 51 werden in dem nachfolgenden Sequenzprotokoll beschrieben.

10

Sequenzprotokoll

(1) ALLGEMEINE INFORMATION:

15

(i) ANMELDER:

(A) NAME: metaGen - Gesellschaft für Genomforschung mbH

(B) STRASSE: Ihnestrasse 63

(C) STADT: Berlin

20

(E) LAND: Deutschland

(F) POST CODE (ZIP): D-14195

(G) TELEFON: (030)-8413 1673
(H) TELEFAX: (030)-8413 1674

5

(ii) TITEL DER ERFINDUNG: Menschliche Nukleinsäure-Sequenzen aus Uterusmyomgewebe

(iii) Anzahl der Sequenzen: 51

10

(iv) COMPUTER READABLE FORM:

(A) MEDIUM TYPE: Floppy disk

(B) COMPUTER: IBM PC compatible

(C) OPERATING SYSTEM: PC-DOS/MS-DOS

15

(D) SOFTWARE: PatentIn Release #1.0, Version #1.25 (EPO)

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 1:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 779 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

25

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

30

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

35

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:1

40

```

agcgagcagc ggcggcgggc cggagagacg cagcggaggt tttcctgggt tcggacccca 60
gcggccggat ggtgaaatcc tccctgcagc ggatcctcaa tagccactgc ttcgccagag120
agaaggaagg ggataaaccc agcgccacca tccacgccag ccgcaccatg ccgctcctaa180
gcctgcacag ccgcggcggc agcagcagtg agagttccag ggtctccctc cactgctgta240
45 gtaaccgggg tccggggcct cgggtggtgt cctgatgcc ctcacccacc cctgaagatc300
ccaggtgggc gaggggaatag tcaaaggac cacaatcttt cagctaactt attctactcc360
gatgatcggc tgaatgtaac agaggaacta acgtccaacg acaagacgag gattctcaac420
gtccagtcca ggctcacaga cgccaaacgc attactggc gaacagtgtc gaggggcggc480
actgctctac atcgagatcc cgggcggcgc gctgcccag gggagcaagg acagctttgc540
50 agttctcctg ggagttcgct gaggagcagc tgcgagggcg accatgtctt aatttgcttc600
cacaagaacc ccgaggacag agccgccttg ctccgaacct tcagcttttt cgggcttgag660
atthttgagac cggggcatcc cctttgttcc ccaagagacc cgacgcttgc ttcattggggcc720
tacaagtttc gagagagagt ctttgggggag aggaagaagg attagggggc gcgtcgggt 779

```

(2) INFORMATION SER SEQ ID NO: 2:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 2310 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:2

```

25  gttctccgaa  acatggagtc  ctgtaggcaa  ggtcttacct  gaatcaggat  gagggagtgg  60
    tgggtccagg  tggggctgct  ggccgtgccc  ctgcttgctg  cgtacctgca  catccccacc  120
    cctcagcgct  cccctgccc  tcactcatgg  aagtcttcag  gcaagttttt  cacttacaag  180
    ggactgcgta  tcttctacca  agactctgtg  ggtgtggttg  gaagtccaga  gatagttgtg  240
    cttttacacg  gttttccaac  atccagctac  gactggtaca  agatttgga  aggtctgacc  300
30  ttgaggttct  atcgggtgat  tgcccttgat  ttcttaggct  ttggcttcag  tgacaaaccg  360
    agaccacatc  actattccat  atttgagcag  gccagcatcg  tggaaagcgt  tttgcggcat  420
    ctggggctcc  agaaccgcag  gatcaacctt  ctttctcatg  actatggaga  tattgttgct  480
    caggagcttc  tctacaggt  caagcagaat  cgatctggtc  ggcttaccat  aaagagtctc  540
    tgtctgtcaa  atggaggtat  ctttcctgag  actcaccgtc  cactccttct  ccaaaagcta  600
35  ctcaaagatg  gaggtgtgct  gtcacccatc  ctcacacgac  tgatgaactt  ctttgtattc  660
    tctcgaggtc  tcaccccagt  ctttgggccc  tatactcggc  cctctgagag  tgagctgtgg  720
    gacatgtggg  cagggatccg  caacaatgac  gggaacttag  tcattgacag  tctcttacag  780
    tacatcaatc  agaggaagaa  gttcagaagg  cgctgggtgg  gagctcttgc  ctctgtaact  840
    atccccattc  attttatcta  tgggccattg  gatcctgtaa  atccctatcc  agagtttttg  900
    gagctgtaca  ggaaaacgct  gccgcggctc  acagtgtcga  ttctggatga  ccacattagc  960
    cactatccac  agctagagga  tcccatgggc  ttcttgaatg  catatatggg  cttcatcaac  1020
    tccttctgag  ctggaaagag  tagcttccct  gtattacctc  ccctactccc  ttatgtgttg  1080
    tgtattccac  ttaggaagaa  atgccccaaa  gaggtcctgg  ccatcaaaca  taattctctc  1140
    acaaagtcca  ctttactcaa  attggtgaac  agtgatatag  aagaagccag  caggagctct  1200
45  gactaagggt  gacataatag  tccacctccc  attactttga  tatctgatca  aatgtataga  1260
    cttggctttg  ttttttgtgc  tattaggaaa  ttctgatgag  cattactatt  cactgatgca  1320
    gaaagacgtt  cttttgcata  aaagactttt  tttaacactt  tggacttctc  tgaaatatat  1380
    agaagtgcta  atttctggcc  ccccccaac  aggaattcta  tagtaagggg  gaggagaagg  1440
    ggggtccctt  cctctcctc  gaatgacgtt  atgggcacat  gccttttaaa  agttctttaa  1500
50  gcaacacaga  gctgagtcct  ctttgtcata  cttttggatt  tagtgtttca  tcagctgttt  1560
    ttagttataa  acattttgtt  aaaatagata  ttggtttaaa  tgatacagta  ttttaggtat  1620
    gatttaagac  tatgatttac  ctatacatta  tatatatatt  ataaagatac  taaaccagca  1680
    tacccttact  ctgccagagt  agtgaagcta  attaaacacg  tttggtttct  gaataaattg  1740
    aactaaatcc  aaactatttc  ctaaaatcac  aggacattaa  ggaccaatag  catctgtgcc  1800
55  agagatgtac  tgttattagc  tgggaagacc  aattctaaca  gcaaataaca  gtctgagact  1860
    cctcatacct  cagtggtag  aagcatgtct  ctcttgagct  acagtagagg  ggaagggatt  1920
    gttgtgtagt  caagtcacca  tgctgaatgt  acactgattc  ctttatgatg  actgcttaac  1980
    tccccactgc  ctgtccaga  gaggccttcc  aatgtagctc  agtaattcct  gttactttac  2040

```

agacaggaaa gttc aa ctttaagaac aaactctgaa agac tga gcaaattggtg2100
 ctgaatactt tttt aa gccacatttc attgtcttag tcaaagcagg attattaagt2160
 gattatttaa aattcgtttt tttaaattag caacttcaag tataacaact ttgaaactgg2220
 5 aataagtgtt tattttctat taataaaaat gaattgtgac aaaaaaaaaa aaaggcttcg2280
 gcttttgaag tctatgtgtg gggggggggg 2310

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 3:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 854 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:3

ctgcacgggg gctcgggctc actataaaag gtgggagcgc gtggtgcccc agcaacgacg 60
 agtttcagaa cgatggagag ctcccgctg aggtctgtgc cctcctggg cgccgccctg120
 35 ctgctgatgc tacctctgtt gggtagccgt gccaggagg acgccgagct ccagccccga180
 gccctggaca tctactctgc cgtggatgat gcctccacg agaaggagct gatcgaagcg240
 ctgcaagaag tcttgaagaa gctcaagagt aaacgtgttc ccatctatga gaagaagtat300
 ggccaagtcc ccatgtgtga cgccggtgag cagtgtgcag tgaggaaagg ggcaaggatc360
 gggaagctgt gtgactgtcc ccgaggaacc tcttgaatt ccttcctcct gaagtgtcta420
 tgaaggggcg tccattctcc tccatacatc cccatccctc tactttcccc agaggaccac480
 accttcctcc ctggagtttg gcttaagcaa cagataaagt ttttattttc ctctgaaggg540
 aaagggtctt tttcctgtct tttcaaaaat aaaagaacac attagatgtt actgtgtgaa600
 gaataatgcc ttgtatggtg ttgatacgtg tgtgaagtat tcttatttta tttgtctgac660
 aaactcttgt gtacctttgt gtaaagaagg gaagctttgt ttgaaaattg tatttttgtä720
 45 tgtggcatgg cagaatgaaa attagatcta gctaattctg gtagatgtca ttacaacctg780
 gaaaataaat caccctaagt gacacaaatt gaagcatgta caaattatac ataataaagt840
 gtttttaata attg 854

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 4:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 1112 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 4

```

cgccagcccc gtcggggggc cggagggggac tcggagcggg ccaagggggc gctccggcgg 60
gcggaactcg agcggggcgc ggagtgaccc ggacagctgt cctctctgac accaccccg 120
cctgcctctt tgttgccatg agagctgcct acctcttcct gctattcctg cctgcaggct 180
tgctggctca gggccagtat gacctggacc cgctgccgcc gttccctgac cacgtccagt 240
acaccacta tagcgaccag atcgacaacc cagactacta tgattatcaa gaggtgactc 300
ctcggccctc cgaggaacag ttccagttcc agtcccagca gcaagtccaa caggaagtca 360
tcccagcccc aaccccagaa ccaggaaatg cagagctgga gcccacagag cctgggcctc 420
ttgactgccg tgaggaacag taccctgca cccgcctcta ctccatacac aggccttgca 480
aacagtgtct caacgaggtc tgcttctaca gcctccgccg tgtgtacgtc attaacaagg 540
agatctgtgt tcgtacagtg tgtgcccatt aggagctcct ccgagctgac ctctgtcggg 600
acaagttctc caaatgtggc gtgatggcca gcagcggcct gtgccaatcc gtggcggcct 660
cctgtgccag gagctgtggg agctgctagg gtggtgctgg catcctgagt cctggccctc 720
ctgggatctg gggccctcgg gccctgcctg acctggtgct tttttcccca tccccatgtt 780
ccttttattc tgtaaaaagt tagtggaact cagccctggg ggttgaggc tcgggtgcct 840
caggccctc cttcagcctg tggccacctc tggggcacga tgggggctcc ccactgcca 900
gtctgcccct cgggttgggg gagtatccca ggccctctct tgggaccctg ggccctgacg 960
ggccttctca gcccgttttg aggacagaca gtcccccgag gtaggctaca tccccccacc 1020
ccagctggtc tgcttgatt tctacagcc ccgctgggca tggaccacct ttattttata 1080
caaaattaaa aacaagtttt tacaataaaa aa 1112

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 5:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1051 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 5

5
gcgcagggcgc gaagaagctg gcagggggcac gagccggggg cgggtttgaa gacgcgtcgt 60
tgggtttttg aggccgtgaa acagccggtt gagtttggt gcgggtggag aacgtttgtc 120
agggggcccg ccaagaagga ggcccgcctg ttacgatggt gtccatgagt ttcaagcgga 180
accgcagtga ccggttctac agcacccggt gctgcggctg ttgccatgtc cgcaccggga 240
10 cgatcatcct ggggacctgg tacatggtag taaacctatt gatggcaatt ttgctgactg 300
tgggaagtga tcattccaaac tccatgccag ctgtcaacat tcagtatgaa gtcacggta 360
attactattc gtctgagaga atggctgata atggcctgtgt tctttttgcc gtctctgttc 420
ttatgtttat aatcagttca atgctggttt atggagcaat ttcttatcaa gtgggttggc 480
tgattccatt cttctgttac cgactttttg acttcgtcct cagttgcctg gttgctatta 540
15 gttctctcac ctatttgcca agaatacaa aatatctgga tcaactacct gattttccct 600
acaaagatga cctcctggcc ttggactcca gctgcctcct gttcattgtt cttgtgttct 660
ttgccttatt catcattttt aaggcttata taattaactg tgtttggaac tgctataaat 720
acatcaacaa ccgaaacgtg ccggagattg ctgtgtaccc tgcctttgaa gcacctcctc 780
agtacgtttt gccaacctat gaaatggccg tgaaaatgcc tgaaaaagaa ccaccacctc 840
20 cttacttacc tgcctgaaga aattctgcct ttgacaataa atcctatacc agctttttgt 900
ttgtttatgt tacagaatgc tgcaattcag ggctcttcaa acttgtttag atataaaata 960
tggtggccct ttggttttaa agcaatttat tttccaaaac actaaggag cttttttgga 1020
catctggtta aacggccttt ttgggtttt t 1051

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 6:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1516 Basenpaare
(B) TYP: Nukleinsäure
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 6

50 gttgtcctca tccctctcat acaggggtgac caggacgttc ttgagccagt cccgcattgcg 60
cagggggaag aagatccatg agaaggagaa gcgcctggag gcaggagacc accccgtgga 120
gctgctggcc cgggacttcg agaagaacta taacatgtac atcttccctg tacactggca 180
gttcggccag ctggaccagc accccattga cgggtacctc tcccacaccg agctggctcc 240
actgcgtgct cccctcatcc ccatggagca ttgaccacc cgctttttcg agacctgtga 300
55 cctggacaat gacaagtaca tcgccctgga tgagtgggccc ggctgcttcg gcatcaagca 360
gaaggatata gacaaggatc ttgtgatcta aatccactcc tcccacagta ccggattctc 420
tctttaaccc tccccttcgt gtttcccca atgtttaaaa tgtttggatg gtttgttgtt 480

ctgcctggag acaac[REDACTED]ct aacatagatt taagtgaata catt[REDACTED]ggt gctaaaaaatg 540
 aaaattctaa cccaag[REDACTED]aca tgacattctt agctgtaact taac[REDACTED]taa ggctttttcc 600
 acacgcatta atagtcccat ttttctcttg ccattttagt ctttgcccat tgtcttattg 660
 5 ggacacatggg gtggacacgg atctgctggg ctctgcctta aacacacatt gcagcttcaa 720
 cttttctctt tagtggtctg tttgaaacta atacttaccg agtcagactt tgtgttcatt 780
 tcatttcagg gtcttggtct cctgtgggct tccccagggt gcctggagggt gggcaaagggt 840
 aagtaacaga cacacgatgt tgtcaaggat ggttttggga ctagaggctc agtgggtggga 900
 gagatccctg cagaaccac caaccagaac gtggtttgcc tgaggctgta actgagagaa 960
 10 agattctggg gctgtgttat gaaaatatag acattctcac ataagcccag ttcaccca1020
 tttctcctt tacctttcag tgcagtttct tttcacatta ggctgttggt tcaaactttt1080
 gggagcacgg actgtcagtt ctctgggaag tggtcagcgc atcctgcagg gcttctcctc1140
 ctctgtcttt tggagaacca gggctcttct caggggctct agggactgcc aggtgtttc1200
 agccaggaag gccaaaatca agagtgaat gtagaaagt gtataataga aaaagtggag1260
 ttggtgaatc ggttggttct tcttcacatt tggatgattg tcataagggt tttagcatgt1320
 15 tctcctttt ctcaccctc cctttttt ccccaagaat acagagaaaa ctcaaagtt1380
 atggggaggg tcggatccta caggcctgag aatcggtcaa ctccaagcat ttcattggaa1440
 aggcggcttc ctaattaatc ctacaaacc ccaccagga tggtagagggt tttcaccaat1500
 tctccaaaa ataaaa 1516

20 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 7:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 2367 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 7

cgccgggact cttggcgggt gaaggtgtgt gtcagctttt gcgtcactcg agccctgggc 60
 gctgcttgct aaagagccga gcacgcgggt ctgtcatcat gtcgcgttac gggcgggtacg 120
 gaggagaaac caaggtgtat gttggttaacc tgggaactgg cgctggcaaa ggagaggttag 180
 aaagggtctt cagttattat ggtcctttta gaactgtatg gattgcgaga aatcctccag 240
 gatttgctt tgtggaattc gaagatccta gagatgcaga agatgcagta cgaggactgg 300
 atggaaagggt gatttgtggc tcccgagtga gggttgaact atcgacaggc atgcctcgga 360
 50 gatcacgttt tgatagacca cctgcccagac gtccctttga tccaaatgat agatgctatg 420
 agtgtggcga aaaggacat tatgcttatg attgtcatcg ttacagccgg cgaagaagaa 480
 gcaggtcacg gtctagatca cattctcgat ccagaggaag gcgatactct cgctcacgca 540
 gcaggagcag gggacgaagg tcaaggtcag catctcctcg acgatcaaga tctatctctc 600
 ttcgtagatc aagatcagct tcaactcagaa gatctaggtc tggttctata aaaggatcga 660
 55 ggtattttcca atccccgtcg aggtcaagat caagatccag gtctatttca cgaccaagaa 720
 gcagccgatc aaagtccaga tctccatctc caaaaagaag tcgttcccca tcaggaagtc 780
 ctgcagaag tgcaagtctt gaaagaatgg actgaagctc tcaagttcac ctttaggga 840
 aaagttattt tgtttacatt attataaggg atttgtgatg tctgtaaagt gtaacctagg 900

```

aaagataatt caacca atcaaaatgg atctggatta ctatgt tcacagcagt 960
aagataatat aaattttt gaatgtatta acatcatatg gtctgaaat gtgggttttt1020
atttggcaca tttaaataaa atgtttctaa ctagattttt gatttgtgtt caatattaac1080
acttcttaat ttgatataat tgagagtcag acattataat tgttaacctt attcatacat1140
5 acctacattc agaattgaaa ggtgttggtt aagtcttgaa catcactatt ctatgcataa1200
aacttggcca ggatcttaag ggactttgaa aattccatct tacccttgta gctctgggta1260
agatgacctg agtcccttat gatacagcct gaatgcatca tgacagatcc ttaagttagc1320
taatccgttt gaagttggtg ttagtaggta ttgtatgatc agtgggtgaag caagtaggac1380
cactgatgtg tctaaatgag catgacagga actaaacgaa actgattaaa tgtatgagaa1440
10 atagaaaactg atttctggat gatctttata ctaattgcag ctttcaggct actaggtggc1500
atagtgttaa ttaggactcc ccaagatatg gggagttcta ctctcaatgg tcttgtttct1560
ttgcttttcta cattagttaa ccagttttat accaaaaaat gcatgtttga ggaattgtct1620
gaaattggga caaaacacct tcatgtaaac cagctttgca aaattttcca gccagatac1680
tcttcatcta ttcaaagga ttgtcttatt ctgagcaaag acctgttggt aatcttcaag1740
15 ctaggttttg cagttcccaa ccacaacatt cttctatttt gccaggctgg tgcaaagtaa1800
ttaaagatgt caatcagaaa tgtcaatgag actaaagtgg ttttgtaaat ctcagctata1860
tttagcaaca ctccatgtag ctaatatattt ttggtagcat ctggtagacc ttagaatgtt1920
acatagccag taggttcttt attcaaattt taagtatctt aagaatagta gggcagtaac1980
agttactttt gagagttttc tgggtcaagct ttaccaggc attctctagc cttggtacaa2040
20 aaaaaa aacctgctgg ttgctgcagat acctaggctt gtccatttta tgcatttcag2100
caaagtcatt ggatactatt gcaacttggg aatactggtc tgcatacaag ttattcggt2160
gtttgaccgc tagtatgttg gaagttattt ggattgtttt tggaaatttg actggctgaa2220
ttatggttg tataaagtta tgtgtataac tggcaggctt atttatctgt tgcacttggt2280
tagctttaat tgttctgtat tatttaaga taagtttact caacaataaa tctgcagaga2340
ttgaacaaat aaaaaaaaaa aaaaaaa 2367

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 8:

30 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 568 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

35

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

40

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

45

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

50

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 8

55

```

ctcgagccgt gggcagtggt cgcaaatgct cggagacact gaccttcagc gcctcggtc 60
cagcgccatg ggcgcctcca ggaagtctt cgttggggga aactggaaga tgaacgggcg120
gaagcagagt ctgggggagc tcatcggcac tctgaacgcg gccaaaggtg cggccgacac180
cgaggtggtt tgtgctcccc ctactgccta tatcgacttc gcccggcaga agctagatcc240
caagattgct gtggtctgctc agaactgcta caaagtgact aatggggctt ttactgggga300
gatcagccct ggcagatgca aagactgcgg agccacgtgg gtggtcctgg ggcactcaga360
gagaaggcat gtctttgggg agtcagatga gctgattggg cagaaagtgg cccatgctct420

```

```

ggcagagggg ctcg taa tcgctgcat tggggagaag cta   aaa gggaaagctgg480
catcactgag aatg ttt tcgagcagac aaaggctcatc ggg   act tgaaggactg540
gatcaagttc gtctctggcct gttggcct                568

```

5 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 9:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1775 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 9

```

ctcggggggcc atttttgtgaa gagacgaaga ctgagcggtt gtggccgcgt tgccgacctc 60
cagcagcagt cggcttctct acgcagaacc cgggagtagg agactcagaa tcgaatctct 120
tctccctccc cttcttgtga gatttttttg atcttcagct acattttcgg ctttgtgaga 180
aaccttacca tcaaacacga tggccagcaa cgttaccaac aagacagatc ctgctcccat 240
gaactcccgt gtattcattg ggaatctcaa cactcttggt gtcaagaaat ctgatgtgga 300
ggcaatcttt tcgaagtatg gcaaaattgt gggtgctct gttcataagg gctttgcctt 360
cgttcagtat gttaatgaga gaaatgcccg ggctgctgta gcaggagagg atggcagaat 420
gattgctggc caggttttag atattaacct gtacggctcc tcttttgact tggactatga 480
agcaggtgtg aaacgatctg cagcggagat gtacggctcc tcttttgact tggactatga 540
ctttcaacgg gactattatg ataggatgta cagttacca gcacgtgtac ctccctctcc 600
tcctattgct cgggctgtag tgccctcgaa acgtcagcgt gtatcaggaa acacttcacg 660
aaggggcaaa agtggttca attctaagag tggacagcgg ggatcttcca agtctggaaa 720
gttgaaagga gatgaccttc aggccattaa gaaggagctg acccagataa aacaaaaagt 780
ggattctctc ctggaaaacc tggaaaaaat tgaaaaggaa cagagcaaac aagcagtaga 840
gatgaagaat gataagtcag aagaggagca gagcagcagc tccgtgaaga aagatgagac 900
taatgtgaag atggagtctg aggggggtgc agatgactct gctgaggagg gggacctact 960
ggatgatgat gataatgaag atcgggggga tgaccagctg gaggttgatca aggatgatga1020
aaaagaggct gaggaaggag aggatgacag agacagcgcc aatggcgagg atgactctta1080
agcacatagt ggggtttaga aatcttatcc cattatttct ttacctaggc gcttgtctaa1140
gatcaaattt ttcaccagat cctctccctc agtatcttca gcacatgctc actgttctcc1200
ccatccttgt ccttcccatg ttcattaatt catattgccc cgcgcctagt cccattttca1260
cttcctttga cgctcctagt agttttgtta agtcttacc tgtaattttt gcttttaatt1320
ttgatacctc tttatgactt aacaataaaa aggatgtatg gtttttatca actgtctcca1380
aaataatctc ttgttatgca gggagtacag ttcttttcat tcatacataa gttcagtagt1440
tgcttcccta actgcaaagg caatctcatt tagttgagta gctcttgaaa gcagctttga1500
gttagaagta tgtgtgttac accctcacat tagtgtgctg tgtggggcag ttcaacacaal560
atgtaacaat gtatttttgt gaatgagagt tggcatgtca aatgcacocct ctagaaaaat1620
aattagtggt atagtcttaa gatttgtttt ctaaaagttga tactgtgggt tatttttgtg1680
aacagcctga tgtttgggac cttttttcct caaaataaac aagtccttat taaaccaggal740
atttgagaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaa                1775

```


(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 10:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 509 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:10

```

caggtcgagt ggccactgcg cagaccagac ttcgctcgta ctggtgcgcc tcgcttcgct 60
tttcctccgc aaccatgtct gacaaacccg atatggctga gatcgagaaa ttcgataagt120
cgaaactgaa gaagacagag acgcaagaga aaaatccact gccttccaaa gaaacgattg180
aacaggagaa gcaagcaggc gaatcgtaat gaggcgtgcg ccgccaatat gactgtaca240
30  ttccacaagc attgccttct tattttactt cttttagctg tttaactttg taagatgcaa300
agaggttgga tcaagtttaa atgactgtgc tgcccctttc acatcaaagg gactacttga360
acaacggaag ggccgcgggc tacctttccc atctgtctat ctatctggct ggcaggggaag420
ggaagagttg caggttggtg aggaagaagt ggggtggaag aagttggatg ggccgccagt480
aaaacttggg taaaccgaac ttggccaag 509

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 11:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 2191 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 11

5

10

15

20

25

30

35

40

45

```

actgagcgcg ggccagccgt gcggcatcta caccgagcgc tgtggctccg gccttcgctg 60
ccagccgtcg cccgacgagg cgcgaccgct gcaggcgctg ctggacggcc gcgggctctg 120
cgtcaacgct agtgccgtca gccgcctgcg cgcctacctg ctgccagcgc cgccagctcc 180
aggaaatgct agtgagtcgg aggaagaccg cagcgccggc agtgtggaga gcccgtccgt 240
ctccagcacg caccgggtgt ctgatcccaa gttccacccc ctccattcaa agataatcat 300
catcaagaaa gggcatgcta aagacagcca gcgctacaaa gttgactacg agtctcagag 360
cacagatacc cagaacttct cctccgagtc caagcgggag acagaatatg gtccctgccg 420
tagagaaatg gaagacacac tgaatcacct gaagttcctc aatgtgctga gtcccagggg 480
tgtacacatt cccaactgtg acaagaaggg attttataag aaaaagcagt gtcgcccttc 540
caaaggcagg aagcggggct tctgtggtg tgtggataag tatgggcagc ctctcccagg 600
ctacaccacc aaggggaagg aggacgtgca ctgctacagc atgcagagca agtagacgca 660
tgccgcaagg ttaatgtgga gctcaaatat gccttatttt gcacaaaaga ctgccaaggga 720
catgaccagc agctggctac agcctcgatt tatattttctg tttgtggtga actgattttt 780
tttaaaccaa agtttagaaa gaggtttttg aaatgcctat ggtttctttg aatggtaaag 840
ttgagcatct tttcactttc cagtagtcag caaagagcag tttgaatttt cttgtcgctt 900
cctatcaaaa tattcagaga ctogagcaca gcaccagac ttcattgcgc cgtggaatgc 960
tcaccacatg ttggtcgaag cgcccgacca ctgactttgt gacttaggcg gctgtgttgc 1020
ctatgtagag aacacgcttc acccccactc cccgtacagt gcgcacaggc tttatcgaga 1080
atagaaaaac ctttaaacc cgggtcatccg gacatcccaa cgcattgctc tggagctcac 1140
agccttctgt ggtgtcattt ctgaaacaag ggcgtggatc cctcaaccaa gaagaatgtt 1200
tatgtcttca agtgacctgt actgcttggg gactattgga gaaaataagg tggagtccta 1260
cttgttttaa aaatatgtat ctaagaatgt tctagggcac tctgggaacc tataaaggca 1320
ggtatttcgg gccctcctct tcaggaatct tctgaagac atggcccagt cgaaggccca 1380
ggatggcttt tgctgcggcc ccgtggggta ggagggacag agagacaggg agagtcagcc 1440
tccacattca gaggcattcac aagtaatggc acaattcttc ggatgactgc agaaaatagt 1500
gtttttagtg tcaacaactc aagacgaagc ttattttctga ggataagctc tttaaaggca 1560
aagctttatt ttcattctct atcttttctc ctcccttagca caatgtaaaa aagaatagta 1620
atatcagaac aggaaggagg aatggcttgc tggggagccc atccaggaca ctgggagcac 1680
atagagattc acccatgttt gttgaactta gagtcattct catgcttttc tttataattc 1740
acacatatat gcagagaaga tatgttcttg ttaacattgt atacaacata gcccacata 1800
tagtaagatc tatactagat aatcctagat gaaatgttag agatgctata tgatacaact 1860
gtggccatga ctgaggaaag gagctcacgc ccagagactg ggctgctctc ccggaggcca 1920
aaccacagaa ggtctggcaa agtcaggctc agggagactc tgccctgctg cagacctcgg 1980
tgtggacaca cgctgcatag agctctcctt gaaaacagag gggctctcaag acattctgcc 2040
tacctattag cttttcttta tttttttaac tttttggggg gaaaagtatt tttgagaagt 2100
ttgtcttgca atgtatttat aaatagtaaa taaagttttt accattaaaa aaaaaggagg 2160
taaaaagaaa aaaaagggcg gccgccgact a

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 12:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1769 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT: 
 (A) ORGANISMUS: MENSCH
 (C) ORGAN:

5 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:
 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 12

```

10 attattttaca tttcaaaaata attccccctta atcgtttttac tcctaagttc attaccattg 60
   ttggcccacc ttaggttcca ccacttggtt gttaccccag ccctgggttc aaacagggac 120
   atggcaaggg gacacaggac agaggggtcc ccagctgcca cctcaccac cgcaattcat 180
   ttagtagcag gcacaggggc agctccggca cggctttctc aggcctatgc cggagcctcg 240
   agggctggag agcgggaaga caggcagtgc tcggggagtt gcagcaggac gtcaccagga 300
15 gggcgaacgg ccacgggagg ggggccccgg gacattgcgc agcaaggagg ctgcaggggc 360
   tcggcctgcg ggcgcgggtc ccacgaggca ctgcggccca gggctctggtg cggagagggc 420
   ccacagtga cttggtgacg ctgtatgcc tcaccgctca gcccctgggg ctggcttggc 480
   agacagtaca gcatccaggg gagtcaagg catggggcga gaccagacta ggcgaggcgg 540
   gcggggcgga gtgaatgagc tctcaggagg gaggatggtg caggcagggg tgaggagcgc 600
20 agggggcggc gagcgggagg cactggcctc cagagcccg ggccaaggcg ggcctcgcg 660
   gcggcgacgg agcgggagc ggtgcctcag cgttcgggct ggagacgagg ccaggtctcc 720
   agctgggggtg gacgtgcccc ccagctgccg aaggcaagac gccaggtccg gtggacgtga 780
   caagcaggac atgacatggt ccggtgtgac ggcgaggaca gaggaggcgc gtccggcctt 840
   cctgaacacc ttaggtctgtt ggggctgcgg caagaagcgg gtctgtttct ttacttctc 900
25 cacggagtcg gcacactatg gctgccctct gggctcccag aaccacaaac atgaaagaaa 960
   tgggtgctacc cagctcaagc ctgggccttt gaatccggac acaaaaccct ctagcttggg 1020
   aatgaatatg ctgcacttta caaccactgc actacctgac tcaggaatcg gctctggaag 1080
   gtgaagctag aggaaccaga cctcatcagc ccaacatcaa agacaccatc ggaacagcag 1140
   cgcccgacg accacccccg caccggcgac tccattctca tggccacccc ctgcggcgga 1200
30 cggttgacca ccagccacca catcatccca gagctgagct cctccagcgg gatgacgcgg 1260
   tccccaccac ctccctcttc ttctttttca tctttctgtc tctttgtttc tgagctttcc 1320
   tgtctttcct tttttctgag agattcaaag cctccacgac tctgtttccc ccgtcccttc 1380
   tgaatttaat ttgactaag tcatttgac tggttgaggt tgtggagacg gccttgagtc 1440
   tcagtacgag tgtgcgtgag tgtgagccac cttggcaagt gcctgtgcag ggcccgccg 1500
35 ccctccatct gggccgggtg actgggcgcc ggctgtgtgc ccgaggcctc accctgccct 1560
   cgcctagtct ggaagctccg accgacatca cggagcagcc ttcaagcatt ccattacgcc 1620
   ccattctcgt ctgtgccct cccaccagg gcttcagcag gagccctgga ctcattcatc 1680
   ataaacactg ttacagcaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa 1740
   aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa 1769
40

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 13:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
 (A) LÄNGE: 1026 Basenpaare
 (B) TYP: Nukleinsäure
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

50 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
 hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

55 (iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:
 (A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

5

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 13

10
 15
 20
 25

```

aaaagctgtc cgcgcgggga gccagggcc agctttggg ttgtccctgg acttgtcttg 60
gttccagaac ctgacgaccc ggcgacggcg acgtctcttt tgactaaaag acagtgtcca 120
gtgtccagc ctaggagtct acggggaccg cctcccgcgc cgccaccatg cccaacttct 180
ctggcaactg gaaaatcatc cgatcggaag acttcgagga attgctcaaa gtgctggggg 240
tgaatgtgat gctgaggaag attgctgtgg ctgcagcgtc caagccagca gtggagatca 300
aacaggaggg agacactttc tacatcaaaa cctccaccac cgtgcgcacc acagagatta 360
acttcaaggt tggggaggag tttgaggagc agactgtgga tgggaggccc tgtaagagcc 420
tggtgaaatg ggagagttag aataaaatgg tctgtgagca gaagctcctg aaggagaggg 480
gccccaaagac ctctgtggacc agagaactga ccaacgatgg ggaactgatc ctgaccatga 540
cggcggtatga cgttgtgtgc accagggtct acgtccgaga gtgagtggcc acaggtagaa 600
ccgcggccga agcccaccac tggccatgct caccgccctg cttcactgcc ccctccgtcc 660
caccctctcc ttctaggata gcgctcccct taccctcagtc acttctgggg gtcactggga 720
tgctctcttc agggctcttc tttctttgac ctctctcttc ctccctaca ccaacaaaga 780
ggaatggctg caagagccca gatcaccat tccgggttca ctccccgctt cccaagtca 840
gcagtccatg ccccaacca gcccagagca ggtctctct aaaggggact tgagggcctg 900
agcaggaaag actggccctc tagcttctac cctttgtccc tgtagcctat acagtttata 960
atattttatt gttaatttta ttaaatgct ttaaaaaaat aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa 1020
aaaaaa 1026
  
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 14:

30

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 676 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

35

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

45

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

50

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 14

55

```

ggccattttg tgaagagacg aagactgagc ggttgtggcc gcgttgccga cctccagcag 60
cagtcggctt ctctacgcag aaccggggag taggagactc agaatcgaat ctcttctccc 120
tccccttctt gggcagcaag gcgaacccca tccctactca ctggagctca gctttgattt 180
ttaacctccc ttccccaccc ttccagaaca cacacattcc attccaaaac tgattttata 240
aagacatttt aaacataatg atgcaacttg gtgtgcacta cagcaaatgt acaggtgttt 300
  
```

tttttttaat tgtttc accgggacct ggatttaaga tgtaattt aaaattttcta360
 tttctatttt ttccggcagca gttggggttag aggaggagga gccttttagc ctcccagaaa420
 ctgacctctc tacttccctcg tgtattttta agattgattg atgatgtgga aagggttttg480
 cttgtctgct actgaaaact ttatccttgc ggtttttgtg gaactgcgtt tggaaagaga540
 5 aaagaaatga actttactga cttgacattt tgcacctccc ggttttcgaa tctgggcaat600
 ttttaattttg gttttacagt gagagttttt gatctcagca cagaagtaat ccaatttttt660
 ttagcatttt ccgact 676

10. (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 15:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1254 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 15

cggtctgagc agctcgagcg gctcaaacac ctcatttgac cttgccagct gaccttcaaa 60
 ccctgcattt gaaccgacca acattaagtc cagagagtaa acttgaatgg aataacgaca 120
 ttccagaagt taatcatttg aattctgaac actggagaaa aaccgaaaaa tggacggggc 180
 atgaagagac taatcatctg gaaaccgatt tcagtggcga tggcatgaca gagctagagc 240
 tcgggccccg ccccgaggctg cagcccatc gcaggcacc gaaagaactt cccagtatg 300
 gtggtccttg aaaggacatt tttgaagatc aactatatct tcctgtgcat tccgatggaa 360
 tttcagttca tcagatgttc accatggcca ccgcagaaca ccgaagtaat tccagcatag 420
 cggggaagat gttgaccaag gtggagaaga atcacgaaaa ggagaagtca cagcacctag 480
 aaggcagcgc ctctcttca ctctcctctg attagatgaa actgttacct taccctaaac 540
 acagtatttc tttttaactt ttttatttgt aaactaataa aggtaatcac agccaccaac 600
 attccaagct accctgggta cttttgtgca gtagaagcta gtgagcatgt gagcaagcgg 660
 45 tgtgcacacg gagactcatc gttataaatt actatctgcc aagagtagaa agaaaggctg 720
 gggatatttg ggttggttg gttttgattt tttgcttgtt tgtttgtttt gtactaaaac 780
 agtattatct tttgaatata gtagggacat aagtatatac atgttatcca atcaagatgg 840
 ctagaatggt gcctttctga gtgtctaaaa cttgacaccc ctggtaaatac tttcaacaca 900
 cttccactgc ctgcgtaatg aagttttgat tcattttttaa ccactggaat ttttcaatgc 960
 50 cgtcattttc agttagatga ttttgcactt tgagattaaa atgccatgtc tatttgatta1020
 gtcttatttt tttattttta caggcttata agtctcactg ttggctgtca ttgtgacaaa1080
 gtcaaataaa cccccaagga cgacacacag tctggtatgc atattgtttg acattaagct1140
 tttgccagaa aatgttgcac gtgttttacc tcgaactgct aaaatcgatt agcagaaagg1200
 catggctaata aatgttggtg gtgaaaataa ataaataagt aaacaaaaag aaaa 1254

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 16:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 537 Basenpaare
 (B) TYP: Nukleinsäure
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
 hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
 (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 16

```

ggccccgggcc cccaccctcg acatgcgctt cgggcgacgc cttagcgctg acccccacgc 60
aaccacagcga aactccgcgg aggcgcgcgg cacgatggac ggtcgggtgc agctgatgaa120
ggccctcctg gccgggcccc tccggcccg cgcgcgtcgc tggaggaacc cgattccctt180
tcccgagacg tttgacggag ataccgaccg actcccgag ttcacgtgc agacgtgctc240
ctacatgttc gtggacgaga acacgttctc caacgacgcc ctgaagggtga cgttcctcat300
caccgcctc acggggccag ccctgcagtg ggtgatccc tacatcagga aggagagccc360
cctgctcaat gattaccggg gctttctggc cgagatgaag cgagtctttg gatgggagga420
ggacgaggac ttctaggccg ggagaccctc gggcctgggg gcgggtgctc tgggaagagt480
tcgctgtgcc agtggccacc gctaggggtc ccacaggcgc cctccccagg gaatgct 537
  
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 17:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 823 Basenpaare
 (B) TYP: Nukleinsäure
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
 hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
 (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BE REIBUNG: SEQ ID NO: 17

5 tagactgaac aggaggggga gtcctgggta gcgcgccggt ctaaatacgtt acttggcgga 60
 aagttcccat gagtctttgc cagcgtcccc ctccctttgt gaggattggg atattccgac 120
 tccttaaggc cctggcgcac ataagggtgtg accttttcat tcccgttgtt atggagggcc 180
 acatctgcca gagcctggag tctgcgaagg ccgggacccg gttccccggc ccacagtggg 240
 ggtgtgcaaa cccgagagaa ctgggttgca aattcgtgaa gaatcagcat catgtttggc 300
 10 agctgagtat tggagccagg agcctgccat gaggttttga gaacagagt ctgttttaga 360
 gctggcagca gcatctcagc ccaagagaag gttatattcc cagaggatgt cagtcccaag 420
 gaccagtagc tgccatcagt ttggattctg aaaactaact ggcatacaaa ctgggtgtag 480
 aaacatgctt gccttatgta tcagaggaca tgctcagcag atccaagaga tatatttggc 540
 aactttttct agaaaaggca cattgggtat cattcattac attcttgagg tttttttggg 600
 tttttttttt ttttttttga gacagtcttg ctgtattgcc caggctggga gtgtggtggc 660
 15 acaatcacag ctcatctcat cctcaatcac ccagggccta agcaatcctc ccacctgtg 720
 gctgggacta cagctcacag cacaccgggc taaaattttt tttgttgag acggtttttc 780
 tatgttgccc ggttggtttt cagggtccgg ggttcagatg gtc 823

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 18:

20

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1082 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

25

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

30

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

35

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 18

45 gggcgacacat aaggtgtgac cttttcattc ccgttggtat ggagggccac atctgccaga 60
 gcctggagtc tgcgaaggcc gggaccgggt tccccggccc acagtggggg tgtgcaaac 120
 cgagagaact ggtcgtgaa acctctacaa cttagttgac cgtaactgcc agagccctgc 180
 cctgaattcc tgtccttact cctcttttaa gattgcgtac ccactgcaga gtgctgaaga 240
 cggggtagcc acgaggttgc aaattcgtga agaatacagca tcatgtttgg cagctgagta 300
 ttggagccag gagcctgcca tgaggttttg agaacagagt gctgttttag agctggcagc 360
 agcatctcag cccaagagaa gggttatattc ccagaggatg tcagtcccaa ggaccagtag 420
 50 ctgccatcag tttggattct gaaaactaac tggcatcaac actgggtgta gaaacatgct 480
 tgccttatgt atcagaggac atgctcagca gatccaagag atatatttgg caactttttc 540
 tagaaaaggc acattgggta tcattcatta cattcttgag tttttttggg tttttttttt 600
 ttttttttga gacagtcttg ctgtattgcc caggctggag tgtggtggca caatcacagc 660
 tcattgcata ctcaatcacc caggcctaag caatcctccc acctttagc tgggactaca 720
 55 gctcacagca cacctggcta aaattttttt tttgttgaga cggattctct atgttgccca 780
 ggctggtctc aggtcctctg gctcagatgg tctcctgcc tcagcttcca aaggcacagg 840
 ccaagttgta gctttgtccc ttgccatcat gcccaacaag aggttctata ccttttaagt 900

aattgacttt cata tgg ttatgttggt gggcaagttc ttt tgg aaattgtaaa 960
 ttctctctga aatg ttt catgcagtta ccatgaacta ata aat aaaggatgggt1020
 cttgggtgtc aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaagaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa1080
 aa 1082

5

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 19:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 1548 Basenpaare
 (B) TYP: Nukleinsäure
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

10

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

15

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

20

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
 (C) ORGAN:

25

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 19

30 cccattccat aggggaatgag ctggggtgtc ctttctcccc acgttcacot gcacttcggt 60
 agagagcagt gttcacatgc cacaccacaa gatccccaca atgacataac tccattcaga 120
 gactggcggtg actgggctgg gtctccccac ccccccttc agctcttgta tcaactcagaa 180
 tctggcgagcc agttccggtc tgacagagtt cacagcatat attggtggat tcttgtccat 240
 agtgcacatctg cttaagaat taacgaaagc agtgtcaaga cagtaaggat tcaaaccatt 300
 35 tgccaaaaat gagtctaagt gcatttactc tcttcctggc attgattggg ggtaccagtg 360
 gccagtacta tgattatgat tttcccctat caatttatgg gcaatcatca ccaaactgtg 420
 caccagaatg taactgccct gaaagctacc caagtgccat gtactgtgat gagctgaaat 480
 tgaaaagtgt accaatgggt cctcctggaa tcaagtatct ttaccttagg aataaccaga 540
 ttgaccatat tgatgaaaag gcctttgaga atgtaactga tctgcagtgg ctcatcttag 600
 atcacaacct tctagaaaac tccaagataa aaggagagat tttctctaaa ttgaaacaac 660
 tgaagaagct gcatataaac cacaacaacc tgacagagtc tgtgggcca cttcccaa 720
 ctctggagga tctgcagctt actcataaca agatcacaaa gctgggctct tttgaaggat 780
 tggtaaacct gaccttcac cactctcagc acaatcggct gaaagaggat gctgtttcag 840
 ctgcttttaa aggtcttaaa tcaactcgaat accttgactt gagcttcaat cagatagcca 900
 45 gactgccttc tggctcctc gtctctcttc taactctcta cttagacaac aataagatca 960
 gcaacatccc tgatgagtat ttcaagcgtt ttaatgcatt gcagtatctg cgtttatctc1020
 acaacgaact ggctgatagt ggaataacct gaaattcttt caatgtgtca tccctgggtg1080
 agctggatct gtcctataac aagcttaaaa acataccaac tgtcaatgaa aaccttgaaa1140
 actattacct ggaggtcaat caacttgaga agtttgacat aaagagcttc tgcaagatcc1200
 50 tggggccatt atcctactcc aagatcaagc atttgcgttt ggatggcaat cgcactctcag1260
 aaaccagtct tccaccggat atgtatgaat gtctacgtgt tgctaacgaa gtcactctta1320
 attaatatct gtatcctgga acaatatatt atggttatgt ttttctgtgt gtcagttttc1380
 atagtatcca tattttatta ctgtttatta cttccatgaa ttttaaaatc tgagggaaat1440
 gttttgtaaa catttatatt tttttaagg aaaaggatgg aaaggccagg gcctaatttc1500
 55 catccaccaa ggaacacacc acattattcc acggaatagg ccatcggg 1548

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 20:

Elektronischer North für SEQ. ID. NO: 3

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0000	0.0000	undef	undef
	Duennndarm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.1103	0.0000	undef
	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn	0.0140	0.0010	13.6792	0.0731
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0000	0.0000	undef	undef
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0815	0.0000	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0030			
30	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			
35					
	FOETUS				
	%Haeufigkeit				
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0028			
40	Gehirn	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefasse	0.0000			
45	Lunge	0.0000			
	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
55					
	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
	%Haeufigkeit				
	Brust	0.0000			
	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0000			
60	Gastrointestinal	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
65	Nerven	0.0090			
	Prostata	0.0137			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0000			

Elektronischer N ern für SEQ. ID. NO: 4

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0078	0.0077	1.0170	0.9833
	Brust	0.0026	0.0038	0.6805	1.4694
	Duenndarm	0.0031	0.0165	0.1854	5.3946
	Eierstock	0.0060	0.0026	2.3025	0.4343
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Gastrointestinal	0.0000	0.0046	0.0000	undef
	Gehirn	0.0007	0.0031	0.2400	4.1669
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0000	0.1695	0.0000	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0065	0.0000	undef
15	Herz	0.0095	0.0412	0.2313	4.3235
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0021	0.0041	0.5080	1.9684
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0077	0.0000	undef
	Muskel-Skelett	0.0017	0.0120	0.1428	7.0040
20	Niere	0.0027	0.0000	undef	0.0000
	Pankreas	0.0033	0.0055	0.5983	1.6714
	Penis	0.0030	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0000	0.0021	0.0000	undef
	Uterus_Endometrium	0.0068	0.0000	undef	0.0000
25	Uterus_Myometrium	0.0152	0.0883	0.1727	5.7919
	Uterus_allgemein	0.0051	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0032			
	Prostata-Hyperplasie	0.0030			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0118			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			

		FOETUS
		%Haeufigkeit
35	Entwicklung	0.0278
	Gastrointestinal	0.0139
	Gehirn	0.0000
40	Haematopoetisch	0.0000
	Haut	0.0000
	Hepatisch	0.0000
	Herz-Blutgefuesse	0.0213
	Lunge	0.0253
45	Nebenniere	0.0000
	Niere	0.0185
	Placenta	0.0061
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
		%Haeufigkeit
55	Brust	0.0068
	Eierstock_n	0.0000
	Eierstock_t	0.0000
	Endokrines_Gewebe	0.0000
	Foetal	0.0093
	Gastrointestinal	0.0122
60	Haematopoetisch	0.0000
	Haut-Muskel	0.0130
	Hoden	0.0000
	Lunge	0.0000
	Nerven	0.0000
65	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000
	Uterus_n	0.0000

Elektronischer North für SEQ. ID. NO: 5

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase 0.0390	0.0332	1.1734	0.8522
	Brust 0.0345	0.0414	0.8352	1.1973
	Duennndarm 0.0399	0.0662	0.6024	1.6599
	Eierstock 0.0359	0.0546	0.6579	1.5201
	Endokrines_Gewebe 0.0528	0.0351	1.5040	0.6649
10	Gastrointestinal 0.0172	0.0185	0.9319	1.0731
	Gehirn 0.0214	0.0359	0.5965	1.6763
	Haematopoetisch 0.0294	0.0379	0.7763	1.2881
	Haut 0.0257	0.1695	0.1516	6.5954
	Hepatisch 0.0476	0.0323	1.4706	0.6800
15	Herz 0.0276	0.0000	undef	0.0000
	Hoden 0.0633	0.0234	2.7059	0.3696
	Lunge 0.0312	0.0266	1.1724	0.8530
	Magen-Speiserohre 0.0387	0.0153	2.5211	0.3967
	Muskel-Skelett 0.0308	0.0360	0.8567	1.1673
20	Niere 0.0326	0.0548	0.5948	1.6813
	Pankreas 0.0132	0.0221	0.5983	1.6714
	Penis 0.0479	0.0000	undef	0.0000
	Prostata 0.0153	0.0319	0.4777	2.0934
	Uterus_Endometrium 0.0473	0.0528	0.8962	1.1158
25	Uterus_Myometrium 0.0305	0.1019	0.2993	3.3415
	Uterus_allgemein 0.0560	0.1908	0.2936	3.4065
	Brust-Hyperplasie 0.0448			
	Prostata-Hyperplasie 0.0446			
	Samenblase 0.1513			
30	Sinnesorgane 0.0235			
	Weisse_Blutkoerperchen 0.0061			
	Zervix 0.0426			

35	FOETUS
	%Haeufigkeit
	Entwicklung 0.0974
	Gastrointestinal 0.0222
	Gehirn 0.0000
40	Haematopoetisch 0.0197
	Haut 0.0000
	Hepatisch 0.0000
	Herz-Blutgefuesse 0.0356
	Lunge 0.0325
45	Nebenniere 0.0000
	Niere 0.0185
	Placenta 0.0909
	Prostata 0.1496
	Sinnesorgane 0.0126

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
	%Haeufigkeit
55	Brust 0.0136
	Eierstock_n 0.0000
	Eierstock_t 0.0051
	Endokrines_Gewebe 0.0000
	Foetal 0.0099
	Gastrointestinal 0.0122
60	Haematopoetisch 0.0000
	Haut-Muskel 0.0324
	Hoden 0.0231
	Lunge 0.0328
	Nerven 0.0131
65	Prostata 0.0068
	Sinnesorgane 0.0077
	Uterus_n 0.0208

Elektronischer N ern für SEQ. ID. NO: 6

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0429	0.1278	0.3356	2.9798
	Brust	0.1036	0.1203	0.8613	1.1610
	Duenndarm	0.0215	0.0992	0.2163	4.6240
	Eierstock	0.0599	0.0702	0.8528	1.1726
	Endokrines_Gewebe	0.0783	0.0426	1.8380	0.5441
10	Gastrointestinal	0.0249	0.0786	0.3167	3.1574
	Gehirn	0.0429	0.1284	0.3341	2.9935
	Haematopoetisch	0.0227	0.1136	0.2000	5.0008
	Haut	0.0844	0.1695	0.4982	2.0073
	Hepatisch	0.0523	0.0712	0.7353	1.3600
15	Herz	0.0922	0.1649	0.5590	1.7890
	Hoden	0.0460	0.0585	0.7872	1.2704
	Lunge	0.0447	0.0797	0.5601	1.7853
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0537	0.0000	undef
20	Muskel-Skelett	0.1490	0.1380	1.0801	0.9258
	Niere	0.0489	0.0479	1.0196	0.9808
	Pankreas	0.0149	0.1049	0.1417	7.0571
	Penis	0.0509	0.1333	0.3819	2.6187
	Prostata	0.0196	0.0319	0.6142	1.6282
25	Uterus_Endometrium	0.0676	0.1583	0.4268	2.3432
	Uterus_Myometrium	0.0381	0.3260	0.1169	8.5541
	Uterus_allgemein	0.0560	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0863			
	Prostata-Hyperplasie	0.0297			
	Samenblase	0.0089			
30	Sinnesorgane	0.0353			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0078			
	Zervix	0.0213			

35	FOETUS	
	%Haeufigkeit	
	Entwicklung	0.1670
	Gastrointestinal	0.1444
	Gehirn	0.0125
40	Haematopoetisch	0.0629
	Haut	0.0000
	Hepatisch	0.0000
	Herz-Blutgefuesse	0.0889
	Lunge	0.0759
45	Nebenniere	0.2535
	Niere	0.1112
	Placenta	0.1091
	Prostata	0.1247
	Sinnesorgane	0.1004

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN	
	%Haeufigkeit	
55	Brust	0.0476
	Eierstock_n	0.1595
	Eierstock_t	0.0203
	Endokrines_Gewebe	0.0000
	Foetal	0.0379
	Gastrointestinal	0.0122
60	Haematopoetisch	0.0000
	Haut-Muskel	0.0486
	Hoden	0.0077
	Lunge	0.0164
	Nerven	0.0251
65	Prostata	0.0068
	Sinnesorgane	0.0155
	Uterus_n	0.0167

Elektronischer North für SEQ. ID. NO: 7

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0117	0.0051	2.2882	0.4370
	Brust	0.0128	0.0075	1.7013	0.5878
	Duennndarm	0.0153	0.0331	0.4634	2.1579
	Eierstock	0.0150	0.0104	1.4391	0.6949
	Endokrines_Gewebe	0.0085	0.0050	1.6981	0.5889
10	Gastrointestinal	0.0096	0.0278	0.3451	2.8974
	Gehirn	0.0059	0.0113	0.5236	1.9098
	Haematopoetisch	0.0254	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0257	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0143	0.0194	0.7353	1.3600
15	Herz	0.0106	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0058	0.0234	0.2460	4.0652
	Lunge	0.0104	0.0245	0.4234	2.3620
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0051	0.0360	0.1428	7.0040
20	Niere	0.0244	0.0068	3.5687	0.2802
	Pankreas	0.0083	0.0000	undef	0.0000
	Penis	0.0180	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0218	0.0064	3.4121	0.2931
	Uterus_Endometrium	0.0135	0.0000	undef	0.0000
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0408	0.0000	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0192			
	Prostata-Hyperplasie	0.0030			
	Samenblase	0.0089			
30	Sinnesorgane	0.0235			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0208			
	Zervix	0.0213			

35	FOETUS	
	%Haeufigkeit	
	Entwicklung	0.0278
	Gastrointestinal	0.0083
	Gehirn	0.0125
40	Haematopoetisch	0.0000
	Haut	0.0000
	Hepatisch	0.0000
	Herz-Blutgefuesse	0.0071
	Lunge	0.0036
45	Nebenniere	0.0000
	Niere	0.0309
	Placenta	0.0061
	Prostata	0.0249
	Sinnesorgane	0.0000

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN	
	%Haeufigkeit	
	Brust	0.0000
55	Eierstock_n	0.0000
	Eierstock_t	0.0101
	Endokrines_Gewebe	0.0245
	Foetal	0.0093
	Gastrointestinal	0.0122
60	Haematopoetisch	0.0342
	Haut-Muskel	0.0097
	Hoden	0.0154
	Lunge	0.0082
	Nerven	0.0080
65	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000
	Uterus_n	0.0042

Elektronischer N ern für SEQ. ID. NO: 8

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0312	0.0460	0.6780	1.4750
	Brust	0.0192	0.0282	0.6805	1.4694
	Duenndarm	0.0368	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0210	0.0364	0.5756	1.7372
	Endokrines_Gewebe	0.0290	0.0326	0.8882	1.1258
10	Gastrointestinal	0.0460	0.0231	1.9880	0.5030
	Gehirn	0.0532	0.0585	0.9094	1.0996
	Haematopoetisch	0.0361	0.0379	0.9528	1.0496
	Haut	0.0367	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0048	0.0647	0.0735	13.5999
15	Herz	0.0699	0.0412	1.6961	0.5896
	Hoden	0.0288	0.4210	0.0683	14.6349
	Lunge	0.0343	0.0368	0.9314	1.0737
	Magen-Speiserohre	0.0773	0.0230	3.3614	0.2975
	Muskel-Skelett	0.0497	0.0660	0.7528	1.3283
20	Niere	0.0353	0.1575	0.2241	4.4619
	Pankreas	0.0165	0.0939	0.1760	5.6828
	Penis	0.0299	0.0267	1.1232	0.8903
	Prostata	0.0196	0.0298	0.6580	1.5197
	Uterus_Endometrium	0.0270	0.1583	0.1707	5.8579
25	Uterus_Myometrium	0.0229	0.0679	0.3367	2.9702
	Uterus_allgemein	0.0051	0.0954	0.0534	18.7357
	Brust-Hyperplasie	0.0192			
	Prostata-Hyperplasie	0.0505			
	Samenblase	0.0890			
30	Sinnesorgane	0.0353			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0399			
	Zervix	0.0319			

35		FOETUS	
		%Haeufigkeit	
	Entwicklung	0.0417	
	Gastrointestinal	0.0333	
	Gehirn	0.0313	
40	Haematopoetisch	0.0197	
	Haut	0.0000	
	Hepatisch	0.0000	
	Herz-Blutgefuesse	0.0783	
	Lunge	0.0217	
45	Nebenniere	0.0507	
	Niere	0.0309	
	Placenta	0.0727	
	Prostata	0.0997	
	Sinnesorgane	0.0000	

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN	
		%Haeufigkeit	
55	Brust	0.0000	
	Eierstock_n	0.0000	
	Eierstock_t	0.0152	
	Endokrines_Gewebe	0.0000	
	Foetal	0.0082	
	Gastrointestinal	0.0244	
60	Haematopoetisch	0.0057	
	Haut-Muskel	0.0032	
	Hoden	0.0077	
	Lunge	0.0082	
	Nerven	0.0141	
65	Prostata	0.0000	
	Sinnesorgane	0.0310	
	Uterus_n	0.0125	

Elektronischer North für SEQ. ID. NO: 9

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0468	0.0204	2.2882	0.4370
	Brust	0.0205	0.0451	0.4537	2.2042
	Duenndarm	0.0307	0.0331	0.9268	1.0789
	Eierstock	0.0539	0.0468	1.1513	0.8686
10	Endokrines_Gewebe	0.0562	0.0527	1.0674	0.9369
	Gastrointestinal	0.0249	0.0324	0.7692	1.3001
	Gehirn	0.0333	0.0318	1.0451	0.9568
	Haematopoetisch	0.0388	0.0379	1.0234	0.9772
	Haut	0.0257	0.1695	0.1516	6.5954
15	Hepatisch	0.0095	0.0259	0.3676	2.7200
	Herz	0.0540	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0173	0.0702	0.2460	4.0652
	Lunge	0.0291	0.0491	0.5927	1.6872
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0230	0.0000	undef
20	Muskel-Skelett	0.0206	0.1140	0.1803	5.5448
	Niere	0.0733	0.0274	2.6765	0.3736
	Pankreas	0.0264	0.0331	0.7977	1.2536
	Penis	0.0269	0.0533	0.5054	1.9786
	Prostata	0.0501	0.0341	1.4715	0.6796
25	Uterus_Endometrium	0.0541	0.2639	0.2049	4.8816
	Uterus_Myometrium	0.0152	0.0611	0.2494	4.0097
	Uterus_allgemein	0.0204	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0512			
	Prostata-Hyperplasie	0.0386			
30	Samenblase	0.0623			
	Sinnesorgane	0.0470			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0286			
	Zervix	0.0426			

35		FOETUS	
		%Haeufigkeit	
	Entwicklung	0.0557	
	Gastrointestinal	0.0666	
40	Gehirn	0.0626	
	Haematopoetisch	0.0786	
	Haut	0.0000	
	Hepatisch	0.0260	
	Herz-Blutgefuesse	0.0818	
45	Lunge	0.0867	
	Nebenniere	0.0761	
	Niere	0.0432	
	Placenta	0.0606	
	Prostata	0.0249	
	Sinnesorgane	0.0628	

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN	
		%Haeufigkeit	
55	Brust	0.0068	
	Eierstock_n	0.1595	
	Eierstock_t	0.0051	
	Endokrines_Gewebe	0.0245	
	Foetal	0.0256	
60	Gastrointestinal	0.0732	
	Haematopoetisch	0.0057	
	Haut-Muskel	0.0551	
	Hoden	0.0309	
	Lunge	0.0737	
65	Nerven	0.0231	
	Prostata	0.0137	
	Sinnesorgane	0.0310	
	Uterus_n	0.0333	

Elektronischer N ern für SEQ. ID. NO: 10

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.1131	0.1431	0.7900	1.2659
	Brust	0.1356	0.1692	0.8015	1.2476
	Duenn darm	0.1962	0.0165	11.8636	0.0843
	Eierstock	0.1827	0.2446	0.7471	1.3385
	Endokrines_Gewebe	0.1090	0.1329	0.8202	1.2192
10	Gastrointestinal	0.1878	0.2590	0.7248	1.3797
	Gehirn	0.1035	0.1325	0.7814	1.2798
	Haematopoetisch	0.2700	0.1894	1.4257	0.7014
	Haut	0.1358	0.0847	1.6028	0.6239
	Hepatisch	0.0428	0.1812	0.2363	4.2311
15	Herz	0.2586	0.0137	18.8118	0.0532
	Hoden	0.0633	0.1403	0.4510	2.2174
	Lunge	0.3231	0.2229	1.4495	0.6899
	Magen-Speiserohre	0.1643	0.2147	0.7653	1.3066
	Muskel-Skelett	0.1970	0.0960	2.0524	0.4872
20	Niere	0.1222	0.2328	0.5248	1.9055
	Pankreas	0.0876	0.1767	0.4955	2.0183
	Penis	0.1407	0.1600	0.8798	1.1366
	Prostata	0.1003	0.0766	1.3080	0.7645
	Uterus_Endometrium	0.1824	0.0528	3.4569	0.2893
25	Uterus_Myometrium	0.1677	0.3804	0.4409	2.2681
	Uterus_allgemein	0.2292	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0735			
	Prostata-Hyperplasie	0.0684			
	Samenblase	0.1335			
30	Sinnesorgane	0.0470			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.2749			
	Zervix	0.0958			

35	FOETUS	
	%Haeufigkeit	
	Entwicklung	0.0139
	Gastrointestinal	0.0639
	Gehirn	0.1063
40	Haematopoetisch	0.1258
	Haut	0.2513
	Hepatisch	0.0260
	Herz-Blutgefuesse	0.0712
	Lunge	0.1517
45	Nebenniere	0.0000
	Niere	0.0988
	Placenta	0.0909
	Prostata	0.1745
	Sinnesorgane	0.0377

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN	
	%Haeufigkeit	
55	Brust	0.0136
	Eierstock_n	0.3190
	Eierstock_t	0.0709
	Endokrines_Gewebe	0.0000
	Foetal	0.0326
	Gastrointestinal	0.1464
60	Haematopoetisch	0.0000
	Haut-Muskel	0.1328
	Hoden	0.0154
	Lunge	0.2211
	Nerven	0.0311
65	Prostata	0.0410
	Sinnesorgane	0.0000
	Uterus_n	0.0333

Elektronischer Nort für SEQ. ID. NO: 11

		NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse N/T T/N	
5	Blase	0.0156	0.0051	3.0509	0.3278
	Brust	0.0064	0.0113	0.5671	1.7633
	Duenndarm	0.0031	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0240	0.0234	1.0233	0.9772
10	Endokrines Gewebe	0.0068	0.0100	0.6792	1.4722
	Gastrointestinal	0.0096	0.0046	2.0708	0.4829
	Gehirn	0.0022	0.0257	0.0864	11.5747
	Haematopoetisch	0.0147	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0110	0.0000	undef	0.0000
15	Hepatisch	0.0238	0.0065	3.6765	0.2720
	Herz	0.0276	0.0275	1.0023	0.9977
	Hoden	0.0000	0.0117	0.0000	undef
	Lunge	0.0083	0.0245	0.3387	2.9526
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0077	0.0000	undef
20	Muskel-Skelett	0.0086	0.0060	1.4278	0.7004
	Niere	0.0081	0.0616	0.1322	7.5658
	Pankreas	0.0165	0.0000	undef	0.0000
	Penis	0.0120	0.0267	0.4493	2.2259
	Prostata	0.0065	0.0085	0.7677	1.3026
25	Uterus_Endometrium	0.0270	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_Myometrium	0.0076	0.0951	0.0802	12.4748
	Uterus_allgemein	0.0968	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0096			
	Prostata-Hyperplasie	0.0089			
30	Samenblase	0.0089			
	Sinnesorgane	0.0706			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0106			

	FOETUS %Haeufigkeit
Entwicklung	0.0139
Gastrointestinal	0.0278
40	Gehirn 0.0000
	Haematopoetisch 0.0708
	Haut 0.0000
	Hepatisch 0.0000
45	Herz-Blutgefuesse 0.0320
	Lunge 0.0036
	Nebenniere 0.0000
	Niere 0.0124
	Placenta 0.2121
	Prostata 0.0000
	Sinnesorgane 0.0000

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN %Haeufigkeit
55	Brust 0.0000
	Eierstock_n 0.0000
	Eierstock_t 0.0000
	Endokrines_Gewebe 0.0000
	Foetal 0.0233
60	Gastrointestinal 0.0244
	Haematopoetisch 0.0000
	Haut-Muskel 0.0648
	Hoden 0.0000
	Lunge 0.0164
65	Nerven 0.0010
	Prostata 0.0068
	Sinnesorgane 0.0000
	Uterus_n 0.0083

Elektronischer Normen für SEQ. ID. NO: 12

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0351	0.3093	0.1135	8.8135
	Brust	0.0269	0.0470	0.5716	1.7493
	Duennndarm	0.0092	0.0662	0.1390	7.1929
	Eierstock	0.0569	0.0182	3.1248	0.3200
	Endokrines_Gewebe	0.0528	0.0502	1.0528	0.9498
10	Gastrointestinal	0.0019	0.0093	0.2071	4.8289
	Gehirn	0.0022	0.0873	0.0254	39.3541
	Haematopoetisch	0.0147	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0220	0.5085	0.0433	23.0839
	Hepatisch	0.0285	0.0582	0.4902	2.0400
15	Herz	0.0191	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0115	0.0000	undef	0.0000
	Lunge	0.0114	0.0061	1.8628	0.5368
	Magen-Speiserohre	0.0193	0.0077	2.5211	0.3967
	Muskel-Skelett	0.0771	0.0540	1.4278	0.7004
20	Niere	0.0489	0.0137	3.5687	0.2802
	Pankreas	0.0264	0.0442	0.5983	1.6714
	Penis	0.0090	0.1066	0.0842	11.8713
	Prostata	0.0000	0.0064	0.0000	undef
	Uterus_Endometrium	0.0743	0.0000	undef	0.0000
25	Uterus_Myometrium	0.0381	0.1494	0.2551	3.9206
	Uterus_allgemein	0.0153	0.0954	0.1601	6.2452
	Brust-Hyperplasie	0.0096			
	Prostata-Hyperplasie	0.0059			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0118			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			

35		FOETUS	
		%Haeufigkeit	
	Entwicklung	0.0696	
	Gastrointestinal	0.4387	
	Gehirn	0.0000	
40	Haematopoetisch	0.2713	
	Haut	0.0000	
	Hepatisch	1.6121	
	Herz-Blutgefuesse	0.0605	
	Lunge	0.1770	
45	Nebenniere	1.1663	
	Niere	0.8092	
	Placenta	0.7635	
	Prostata	0.0499	
	Sinnesorgane	0.0000	

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN	
		%Haeufigkeit	
55	Brust	0.0612	
	Eierstock_n	0.0000	
	Eierstock_t	0.1114	
	Endokrines_Gewebe	0.0000	
	Foetal	0.4665	
	Gastrointestinal	0.0000	
60	Haematopoetisch	0.0000	
	Haut-Muskel	0.0000	
	Hoden	0.0000	
	Lunge	0.0000	
	Nerven	0.0030	
65	Prostata	0.0068	
	Sinnesorgane	0.0000	
	Uterus_n	0.0291	

Elektronischer North für SEQ. ID. NO: 13

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0078	0.0204	0.3814	2.6222
	Brust	0.0256	0.0432	0.5918	1.6899
	Duennndarm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0060	0.0078	0.7675	1.3029
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0050	0.0000	undef
10	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn	0.0074	0.0216	0.3428	2.9168
	Haematopoetisch	0.0013	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0073	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0021	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0115	0.0468	0.2460	4.0652
	Lunge	0.0031	0.0082	0.3810	2.6245
	Magen-Speiseroehre	0.0580	0.0000	undef	0.0000
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0300	0.0000	undef
20	Niere	0.0027	0.0000	undef	0.0000
	Pankreas	0.0033	0.0276	0.1197	8.3571
	Penis	0.0210	0.1066	0.1966	5.0877
	Prostata	0.0022	0.0043	0.5118	1.9538
	Uterus_Endometrium	0.0135	0.0000	undef	0.0000
25	Uterus_Myometrium	0.0305	0.0883	0.3453	2.8959
	Uterus_allgemein	0.0102	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0160			
	Prostata-Hyperplasie	0.0059			
	Samenblase	0.0356			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0035			
	Zervix	0.0639			

35	FOETUS	
	%Haeufigkeit	
	Entwicklung	0.0000
	Gastrointestinal	0.0028
	Gehirn	0.0000
40	Haematopoetisch	0.0000
	Haut	0.0000
	Hepatisch	0.0000
	Herz-Blutgefuesse	0.0000
	Lunge	0.0145
45	Nebenniere	0.0761
	Niere	0.0247
	Placenta	0.0061
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN	
	%Haeufigkeit	
55	Brust	0.0408
	Eierstock_n	0.0000
	Eierstock_t	0.1266
	Endokrines_Gewebe	0.0000
	Foetal	0.0047
	Gastrointestinal	0.0000
60	Haematopoetisch	0.0057
	Haut-Muskel	0.0032
	Hoden	0.0000
	Lunge	0.0000
	Nerven	0.0030
65	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000
	Uterus_n	0.0208

Elektronischer Normen für SEQ. ID. NO: 14

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0195	0.0051	3.8136	0.2622
	Brust	0.0051	0.0132	0.3889	2.5715
	Duennndarm	0.0061	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0150	0.0130	1.1513	0.8686
	Endokrines_Gewebe	0.0153	0.0150	1.0189	0.9815
10	Gastrointestinal	0.0115	0.0000	undef	0.0000
	Gehirn	0.0133	0.0133	0.9969	1.0031
	Haematopoetisch	0.0174	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0147	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0194	0.0000	undef
15	Herz	0.0265	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0058	0.0000	undef	0.0000
	Lunge	0.0042	0.0164	0.2540	3.9367
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0077	0.0000	undef
	Muskel-Skelett	0.0069	0.0540	0.1269	7.8795
20	Niere	0.0217	0.0274	0.7930	1.2610
	Pankreas	0.0165	0.0055	2.9915	0.3343
	Penis	0.0090	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0087	0.0170	0.5118	1.9538
	Uterus_Endometrium	0.0338	0.2111	0.1600	6.2484
25	Uterus_Myometrium	0.0076	0.0475	0.1603	6.2374
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0320			
	Prostata-Hyperplasie	0.0238			
	Samenblase	0.0267			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0069			
	Zervix	0.0213			

35	FOETUS	
	%Haeufigkeit	
	Entwicklung	0.0417
	Gastrointestinal	0.0139
	Gehirn	0.0125
40	Haematopoetisch	0.0157
	Haut	0.0000
	Hepatisch	0.0000
	Herz-Blutgefuesse	0.0427
	Lunge	0.0253
45	Nebenniere	0.0000
	Niere	0.0124
	Placenta	0.0121
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0126

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN	
	%Haeufigkeit	
	Brust	0.0068
55	Eierstock_n	0.0000
	Eierstock_t	0.0051
	Endokrines_Gewebe	0.0245
	Foetal	0.0035
	Gastrointestinal	0.0244
60	Haematopoetisch	0.0000
	Haut-Muskel	0.0065
	Hoden	0.0000
	Lunge	0.0082
	Nerven	0.0050
65	Prostata	0.0137
	Sinnesorgane	0.0155
	Uterus_n	0.0042

Elektronischer Nort für SEQ. ID. NO: 15

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0078	0.0102	0.7627	1.3111
	Brust	0.0026	0.0150	0.1701	5.8778
	Duenndarm	0.0184	0.0496	0.3707	2.6973
	Eierstock	0.0000	0.0052	0.0000	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0025	0.0000	undef
10	Gastrointestinal	0.0000	0.0093	0.0000	undef
	Gehirn	0.0007	0.0072	0.1029	9.7228
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0037	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0032	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0058	0.0000	undef	0.0000
	Lunge	0.0021	0.0041	0.5080	1.9684
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0307	0.0000	undef
	Muskel-Skelett	0.0086	0.0240	0.3569	2.8016
20	Niere	0.0027	0.0000	undef	0.0000
	Pankreas	0.0000	0.0055	0.0000	undef
	Penis	0.0240	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0065	0.0021	3.0709	0.3256
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0340	0.0000	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0096			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0118			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			

35	FOETUS	
	%Haeufigkeit	
	Entwicklung	0.0139
	Gastrointestinal	0.0000
	Gehirn	0.0000
40	Haematopoetisch	0.0039
	Haut	0.0000
	Hepatisch	0.0000
	Herz-Blutgefuesse	0.0036
	Lunge	0.0036
45	Nebenniere	0.0000
	Niere	0.0000
	Placenta	0.0000
	Prostata	0.0249
	Sinnesorgane	0.0000

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN	
	%Haeufigkeit	
55	Brust	0.0000
	Eierstock_n	0.0000
	Eierstock_t	0.0000
	Endokrines_Gewebe	0.0000
	Foetal	0.0000
	Gastrointestinal	0.0000
60	Haematopoetisch	0.0000
	Haut-Muskel	0.0000
	Hoden	0.0000
	Lunge	0.0000
	Nerven	0.0020
65	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000
	Uterus_n	0.0125

Elektronischer Normen für SEQ. ID. NO: 16

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0039	0.0153	0.2542	3.9333
	Brust	0.0077	0.0038	2.0416	0.4898
	Duennndarm	0.0123	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0060	0.0026	2.3025	0.4343
	Endokrines_Gewebe	0.0119	0.0251	0.4755	2.1032
10	Gastrointestinal	0.0096	0.0139	0.6903	1.4487
	Gehirn	0.0163	0.0246	0.6600	1.5152
	Haematopoetisch	0.0040	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0110	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0095	0.0065	1.4706	0.6800
15	Herz	0.0180	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0117	0.0000	undef
	Lunge	0.0135	0.0082	1.6511	0.6057
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0153	0.0000	undef
	Muskel-Skelett	0.0069	0.0060	1.1422	0.8755
20	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0033	0.0276	0.1197	8.3571
	Penis	0.0090	0.0267	0.3369	2.9678
	Prostata	0.0196	0.0128	1.5354	0.6513
	Uterus_Endometrium	0.0068	0.0000	undef	0.0000
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0408	0.0000	undef
	Uterus_allgemein	0.0357	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0128			
	Prostata-Hyperplasie	0.0089			
	Samenblase	0.0267			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			

35		FOETUS	
		%Haeufigkeit	
	Entwicklung	0.0000	
	Gastrointestinal	0.0000	
	Gehirn	0.0375	
40	Haematopoetisch	0.0039	
	Haut	0.0000	
	Hepatisch	0.0000	
	Herz-Blutgefuesse	0.0071	
	Lunge	0.0036	
45	Nebenniere	0.0507	
	Niere	0.0124	
	Placenta	0.0061	
	Prostata	0.0249	
	Sinnesorgane	0.0000	

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN	
		%Haeufigkeit	
	Brust	0.0000	
55	Eierstock_n	0.0000	
	Eierstock_t	0.0000	
	Endokrines_Gewebe	0.0000	
	Foetal	0.0012	
	Gastrointestinal	0.0122	
60	Haematopoetisch	0.0000	
	Haut-Muskel	0.0097	
	Hoden	0.0000	
	Lunge	0.0082	
	Nerven	0.0050	
65	Prostata	0.0000	
	Sinnesorgane	0.0000	
	Uterus_n	0.0083	

Elektronischer Nort für SEQ. ID. NO: 17

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T T/N
5	Blase	0.0195	0.0179	1.0896 0.9178
	Brust	0.0307	0.0338	0.9074 1.1021
	Duenndarm	0.0184	0.0165	1.1122 0.8991
	Eierstock	0.0509	0.0286	1.7792 0.5620
	Endokrines_Gewebe	0.0375	0.0301	1.2453 0.8030
10	Gastrointestinal	0.0153	0.0093	1.6567 0.6036
	Gehirn	0.0222	0.0452	0.4909 2.0372
	Haematopoetisch	0.0160	0.0000	undef 0.0000
	Haut	0.0661	0.0000	undef 0.0000
	Hepatisch	0.0143	0.0518	0.2757 3.6266
15	Herz	0.0636	0.0000	undef 0.0000
	Hoden	0.0173	0.0117	1.4759 0.6775
	Lunge	0.0177	0.0532	0.3322 3.0104
	Magen-Speiseroehre	0.0483	0.0000	undef 0.0000
	Muskel-Skelett	0.0137	0.0960	0.1428 7.0040
20	Niere	0.0217	0.0685	0.3172 3.1524
	Pankreas	0.0264	0.0055	4.7864 0.2089
	Penis	0.0449	0.0000	undef 0.0000
	Prostata	0.0283	0.0341	0.8317 1.2024
	Uterus_Endometrium	0.0135	0.0000	undef 0.0000
25	Uterus_Myometrium	0.0229	0.0679	0.3367 2.9702
	Uterus_allgemein	0.0051	0.0000	undef 0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0671		
	Prostata-Hyperplasie	0.0476		
	Samenblase	0.0356		
30	Sinnesorgane	0.0353		
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0121		
	Zervix	0.0532		

35	FOETUS	
	%Haeufigkeit	
	Entwicklung	0.0557
	Gastrointestinal	0.0278
	Gehirn	0.0688
40	Haematopoetisch	0.0275
	Haut	0.0000
	Hepatisch	0.0000
	Herz-Blutgefuesse	0.0534
	Lunge	0.0831
45	Nebenniere	0.1014
	Niere	0.0741
	Placenta	0.0182
	Prostata	0.1247
	Sinnesorgane	0.0000

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN	
	%Haeufigkeit	
55	Brust	0.0000
	Eierstock_n	0.0000
	Eierstock_t	0.0203
	Endokrines_Gewebe	0.0490
	Foetal	0.0169
	Gastrointestinal	0.0122
60	Haematopoetisch	0.0000
	Haut-Muskel	0.0259
	Hoden	0.0000
	Lunge	0.0082
	Nerven	0.0050
65	Prostata	0.0068
	Sinnesorgane	0.0000
	Uterus_n	0.0167

Elektronischer Normkern für SEQ. ID. NO: 18

		NORMAL		TUMOR		Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit		%Haeufigkeit	N/T	T/N	
5	Blase	0.0195		0.0179	1.0896	0.9178	
	Brust	0.0371		0.0357	1.0387	0.9627	
	Duenn darm	0.0245		0.0331	0.7415	1.3487	
	Eierstock	0.0479		0.0390	1.2280	0.8143	
	Endokrines Gewebe	0.0358		0.0326	1.0972	0.9114	
10	Gastrointestinal	0.0153		0.0093	1.6567	0.6036	
	Gehirn	0.0229		0.0524	0.4376	2.2851	
	Haematopoetisch	0.0147		0.0000	undef	0.0000	
	Haut	0.0587		0.0000	undef	0.0000	
	Hepatisch	0.0143		0.0518	0.2757	3.6266	
15	Herz	0.0593		0.0000	undef	0.0000	
	Hoden	0.0115		0.0117	0.9839	1.0163	
	Lunge	0.0145		0.0491	0.2964	3.3743	
	Magen-Speiserohre	0.0290		0.0000	undef	0.0000	
	Muskel-Skelett	0.0120		0.1140	0.1052	9.5055	
20	Niere	0.0299		0.0616	0.4846	2.0634	
	Pankreas	0.0281		0.0055	5.0855	0.1966	
	Penis	0.0449		0.0000	undef	0.0000	
	Prostata	0.0349		0.0319	1.0919	0.9159	
	Uterus_Endometrium	0.0203		0.0000	undef	0.0000	
25	Uterus_Myometrium	0.0152		0.0679	0.2245	4.4553	
	Uterus_allgemein	0.0051		0.0000	undef	0.0000	
	Brust-Hyperplasie	0.0576					
	Prostata-Hyperplasie	0.0446					
	Samenblase	0.0356					
30	Sinnesorgane	0.0235					
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0130					
	Zervix	0.0532					

35	FOETUS	
	%Haeufigkeit	
	Entwicklung	0.0417
	Gastrointestinal	0.0333
	Gehirn	0.0688
40	Haematopoetisch	0.0275
	Haut	0.0000
	Hepatisch	0.0000
	Herz-Blutgefuesse	0.0427
	Lunge	0.0867
45	Nebenniere	0.1268
	Niere	0.0741
	Placenta	0.0182
	Prostata	0.1247
	Sinnesorgane	0.0000

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN	
	%Haeufigkeit	
	Brust	0.0000
55	Eierstock_n	0.0000
	Eierstock_t	0.0253
	Endokrines_Gewebe	0.0245
	Foetal	0.0326
	Gastrointestinal	0.0122
60	Haematopoetisch	0.0000
	Haut-Muskel	0.0518
	Hoden	0.0000
	Lunge	0.0082
	Nerven	0.0090
65	Prostata	0.0137
	Sinnesorgane	0.0000
	Uterus_n	0.0208

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 19

		NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse N/T T/N	
5	Blase	0.0351	0.0332	1.0561	0.9469
	Brust	0.0269	0.0376	0.7146	1.3995
	Duennndarm	0.0337	0.0992	0.3398	2.9425
	Eierstock	0.0240	0.0312	0.7675	1.3029
	Endokrines_Gewebe	0.0409	0.0075	5.4340	0.1840
10	Gastrointestinal	0.0268	0.0971	0.2761	3.6217
	Gehirn	0.0059	0.0113	0.5236	1.9098
	Haematopoetisch	0.0013	0.2273	0.0059	170.0273
	Haut	0.0330	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0095	0.0388	0.2451	4.0800
15	Herz	0.0223	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0173	0.0351	0.4920	2.0326
	Lunge	0.0395	0.0900	0.4388	2.2792
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0077	0.0000	undef
	Muskel-Skelett	0.0857	0.1920	0.4462	2.2413
20	Niere	0.0136	0.0205	0.6609	1.5132
	Pankreas	0.0198	0.0221	0.8974	1.1143
	Penis	0.0629	0.0800	0.7862	1.2719
	Prostata	0.0087	0.0106	0.8189	1.2211
	Uterus_Endometrium	0.0676	0.0000	undef	0.0000
25	Uterus_Myometrium	0.0686	0.1630	0.4208	2.3761
	Uterus_allgemein	0.0153	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0735			
	Prostata-Hyperplasie	0.0416			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0235			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0426			

35		FOETUS %Haeufigkeit
	Entwicklung	0.1113
	Gastrointestinal	0.0056
	Gehirn	0.0000
40	Haematopoetisch	0.0039
	Haut	0.0000
	Hepatisch	0.0000
	Herz-Blutgefuesse	0.0356
	Lunge	0.0289
45	Nebenniere	0.0000
	Niere	0.0062
	Placenta	0.1333
	Prostata	0.0249
	Sinnesorgane	0.0000

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN %Haeufigkeit
	Brust	0.0204
55	Eierstock_n	0.0000
	Eierstock_t	0.0000
	Endokrines_Gewebe	0.0000
	Foetal	0.0111
	Gastrointestinal	0.0244
60	Haematopoetisch	0.0000
	Haut-Muskel	0.0065
	Hoden	0.0000
	Lunge	0.0000
	Nerven	0.0000
65	Prostata	0.0068
	Sinnesorgane	0.0077
	Uterus_n	0.0125

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 20

70

	NORMAL	TUMOR	Verhältnisse
	%Häufigkeit	%Häufigkeit	N T/N
5	Blase 0.0858	0.1048	0.8185 1.2217
	Brust 0.1036	0.1729	0.5992 1.6690
	Duennndarm 0.1226	0.1158	1.0593 0.9441
	Eierstock 0.0958	0.1197	0.8009 1.2486
	Endokrines_Gewebe 0.0954	0.1128	0.8453 1.1830
	Gastrointestinal 0.0900	0.1573	0.5725 1.7466
10	Gehirn 0.0658	0.0924	0.7120 1.4046
	Haematopoetisch 0.1109	0.0758	1.4645 0.6828
	Haut 0.0918	0.0000	undef 0.0000
	Hepatisch 0.0333	0.0906	0.3676 2.7200
	Herz 0.2120	0.0412	5.1398 0.1946
	Hoden 0.0690	0.3625	0.1904 5.2509
15	Lunge 0.0696	0.1186	0.5869 1.7040
	Magen-Speiserohre 0.0483	0.0460	1.0504 0.9520
	Muskel-Skelett 0.0702	0.2820	0.2491 4.0145
	Niere 0.0652	0.1027	0.6344 1.5762
20	Pankreas 0.1140	0.1270	0.8974 1.1143
	Penis 0.1018	0.0000	undef 0.0000
	Prostata 0.1090	0.1277	0.8530 1.1723
	Uterus_Endometrium 0.1149	0.0000	undef 0.0000
	Uterus_Myometrium 0.0686	0.2106	0.3258 3.0692
25	Uterus_allgemein 0.0458	0.1908	0.2402 4.1635
	Brust-Hyperplasie 0.1279		
	Prostata-Hyperplasie 0.1159		
	Samenblase 0.1157		
	Sinnesorgane 0.1059		
30	Weisse_Blutkoerperchen 0.0832		
	Zervix 0.1278		

	FOETUS
	%Häufigkeit
35	Entwicklung 0.0557
	Gastrointestinal 0.2471
	Gehirn 0.2189
	Haematopoetisch 0.1612
40	Haut 0.0000
	Hepatisch 0.1560
	Herz-Blutgefäesse 0.2633
	Lunge 0.1012
	Nebenniere 0.1014
45	Niere 0.1112
	Placenta 0.0848
	Prostata 0.3740
	Sinnesorgane 0.0126

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
	%Häufigkeit
55	Brust 0.0136
	Eierstock_n 0.1595
	Eierstock_t 0.0658
	Endokrines_Gewebe 0.0000
	Foetal 0.0216
	Gastrointestinal 0.0732
	Haematopoetisch 0.0057
60	Haut-Muskel 0.0259
	Hoden 0.0000
	Lunge 0.1638
	Nerven 0.0211
	Prostata 0.0205
65	Sinnesorgane 0.0000
	Uterus_n 0.0333

Elektronischer Normen für SEQ. ID. NO: 21

		NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse	
				N/T	T/N
5	Blase	0.0273	0.0102	2.6695	0.3746
	Brust	0.0051	0.0019	2.7221	0.3674
	Duennndarm	0.0276	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0180	0.0000	undef	0.0000
	Endokrines_Gewebe	0.0136	0.0000	undef	0.0000
10	Gastrointestinal	0.0134	0.0046	2.8992	0.3449
	Gehirn	0.0015	0.0164	0.0900	11.1117
	Haematopoetisch	0.0053	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0147	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0048	0.0000	undef	0.0000
15	Herz	0.0106	0.0412	0.2570	3.8912
	Hoden	0.0000	0.0117	0.0000	undef
	Lunge	0.0052	0.0102	0.5080	1.9684
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0223	0.0060	3.7122	0.2694
20	Niere	0.0081	0.0000	undef	0.0000
	Pankreas	0.0033	0.0276	0.1197	8.3571
	Penis	0.0030	0.0267	0.1123	8.9035
	Prostata	0.0022	0.0043	0.5118	1.9538
	Uterus_Endometrium	0.0135	0.0000	undef	0.0000
25	Uterus_Myometrium	0.0381	0.1019	0.3741	2.6732
	Uterus_allgemein	0.0102	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0032			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0089			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0130			
	Zervix	0.0106			

35	FOETUS %Haeufigkeit	
	Entwicklung	0.0000
	Gastrointestinal	0.0111
	Gehirn	0.0000
40	Haematopoetisch	0.0157
	Haut	0.0000
	Hepatisch	0.0000
	Herz-Blutgefuesse	0.0107
	Lunge	0.0000
45	Nebenniere	0.0000
	Niere	0.0247
	Placenta	0.0000
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN %Haeufigkeit	
55	Brust	0.0204
	Eierstock_n	0.0000
	Eierstock_t	0.0101
	Endokrines_Gewebe	0.0490
	Foetal	0.0093
	Gastrointestinal	0.0122
60	Haematopoetisch	0.0057
	Haut-Muskel	0.0421
	Hoden	0.0154
	Lunge	0.0000
	Nerven	0.0010
65	Prostata	0.0274
	Sinnesorgane	0.0000
	Uterus_n	0.0000

Elektronischer No rn für SEQ. ID. NO: 22

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase 0.0000	0.0102	0.0000	undef
	Brust 0.0064	0.0207	0.3093	3.2328
	Duenndarm 0.0153	0.0662	0.2317	4.3157
	Eierstock 0.0180	0.0156	1.1513	0.8686
	Endokrines_Gewebe 0.0204	0.0351	0.5822	1.7176
10	Gastrointestinal 0.0153	0.0231	0.6627	1.5090
	Gehirn 0.0510	0.0257	1.9871	0.5032
	Haematopoetisch 0.0134	0.0000	undef	0.0000
	Haut 0.0367	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch 0.0095	0.0000	undef	0.0000
15	Herz 0.0466	0.0000	undef	0.0000
	Hoden 0.0000	0.0117	0.0000	undef
	Lunge 0.0249	0.0348	0.7172	1.3943
	Magen-Speiseroehre 0.0193	0.0077	2.5211	0.3967
	Muskel-Skelett 0.0377	0.0300	1.2564	0.7959
20	Niere 0.0244	0.0274	0.8922	1.1209
	Pankreas 0.0083	0.0166	0.4986	2.0057
	Penis 0.0329	0.0267	1.2355	0.8094
	Prostata 0.0131	0.0149	0.8774	1.1397
	Uterus_Endometrium 0.0338	0.0000	undef	0.0000
25	Uterus_Myometrium 0.0000	0.0340	0.0000	undef
	Uterus_allgemein 0.0153	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie 0.0256			
	Prostata-Hyperplasie 0.0238			
	Samenblase 0.0000			
30	Sinnesorgane 0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen 0.0069			
	Zervix 0.0213			

	FOETUS
	%Haeufigkeit
35	Entwicklung 0.0139
	Gastrointestinal 0.0194
	Gehirn 0.0125
40	Haematopoetisch 0.0039
	Haut 0.0000
	Hepatisch 0.0000
	Herz-Blutgefuesse 0.0320
	Lunge 0.0434
45	Nebenniere 0.0000
	Niere 0.0124
	Placenta 0.0061
	Prostata 0.0000
	Sinnesorgane 0.0251

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
	%Haeufigkeit
55	Brust 0.0000
	Eierstock_n 0.3190
	Eierstock_t 0.0000
	Endokrines_Gewebe 0.0000
	Foetal 0.0373
	Gastrointestinal 0.0000
60	Haematopoetisch 0.0114
	Haut-Muskel 0.0680
	Hoden 0.0231
	Lunge 0.0000
	Nerven 0.0211
65	Prostata 0.0205
	Sinnesorgane 0.0077
	Uterus_n 0.0458

Elektronischer Nort für SEQ. ID. NO: 23

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0741	0.0639	1.1593	0.8626
	Brust	0.0691	0.0827	0.8352	1.1973
	Duenndarm	0.0245	0.0496	0.4943	2.0230
	Eierstock	0.0689	0.0494	1.3936	0.7176
	Endokrines_Gewebe	0.2487	0.5191	0.4791	2.0873
10	Gastrointestinal	0.0421	0.0879	0.4796	2.0852
	Gehirn	0.1700	0.1037	1.6395	0.6099
	Haematopoetisch	0.0695	0.0758	0.9175	1.0899
	Haut	0.0367	0.4237	0.0866	11.5419
	Hepatisch	0.0143	0.0388	0.3676	2.7200
15	Herz	0.0668	0.1375	0.4857	2.0588
	Hoden	0.0460	0.0468	0.9839	1.0163
	Lunge	0.0592	0.0470	1.2590	0.7943
	Magen-Speiseroehre	0.1160	0.0690	1.6807	0.5950
	Muskel-Skelett	0.0754	0.0960	0.7853	1.2735
20	Niere	0.0706	0.0479	1.4728	0.6790
	Pankreas	0.0677	0.0552	1.2265	0.8153
	Penis	0.0988	0.0267	3.7064	0.2698
	Prostata	0.0697	0.0660	1.0566	0.9464
	Uterus_Endometrium	0.0608	0.0000	undef	0.0000
25	Uterus_Myometrium	0.0152	0.0611	0.2494	4.0097
	Uterus_allgemein	0.1120	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0480			
	Prostata-Hyperplasie	0.0565			
	Samenblase	0.0445			
30	Sinnesorgane	0.0823			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0824			
	Zervix	0.0852			

35	FOETUS	
	%Haeufigkeit	
	Entwicklung	0.1113
	Gastrointestinal	0.0805
	Gehirn	0.1376
40	Haematopoetisch	0.1140
	Haut	0.0000
	Hepatisch	0.0520
	Herz-Blutgefuesse	0.0996
	Lunge	0.1951
45	Nebenniere	0.1268
	Niere	0.1359
	Placenta	0.1030
	Prostata	0.0748
	Sinnesorgane	0.0879

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN	
	%Haeufigkeit	
	Brust	0.0544
55	Eierstock_n	0.0000
	Eierstock_t	0.0203
	Endokrines_Gewebe	0.0245
	Foetal	0.0309
	Gastrointestinal	0.0610
60	Haematopoetisch	0.0000
	Haut-Muskel	0.0356
	Hoden	0.0077
	Lunge	0.0655
	Nerven	0.0783
65	Prostata	0.0547
	Sinnesorgane	0.0000
	Uterus_n	0.0083

Elektronischer Nachschlüssel für SEQ. ID. NO: 24

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0546	0.0332	1.6428	0.6087
	Brust	0.0269	0.0320	0.8407	1.1896
	Duennndarm	0.0276	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0479	0.0546	0.8771	1.1401
	Endokrines_Gewebe	0.0324	0.0176	1.8437	0.5424
10	Gastrointestinal	0.0211	0.0463	0.4556	2.1950
	Gehirn	0.0229	0.0277	0.8266	1.2097
	Haematopoetisch	0.0348	0.0379	0.9175	1.0899
	Haut	0.0184	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0190	0.0000	undef	0.0000
15	Herz	0.0477	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0230	0.1169	0.1968	5.0816
	Lunge	0.0156	0.0307	0.5080	1.9684
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0460	0.0000	undef
	Muskel-Skelett	0.0120	0.0480	0.2499	4.0023
20	Niere	0.0163	0.0068	2.3791	0.4203
	Pankreas	0.0182	0.0331	0.5484	1.8234
	Penis	0.0180	0.0800	0.2246	4.4517
	Prostata	0.0174	0.0170	1.0236	0.9769
	Uterus_Endometrium	0.0541	0.0000	undef	0.0000
25	Uterus_Myometrium	0.0229	0.0679	0.3367	2.9702
	Uterus_allgemein	0.0102	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0576			
	Prostata-Hyperplasie	0.0208			
	Samenblase	0.0089			
30	Sinnesorgane	0.0118			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0277			
	Zervix	0.0213			

35	FOETUS	
	%Haeufigkeit	
	Entwicklung	0.0278
	Gastrointestinal	0.0639
	Gehirn	0.0438
40	Haematopoetisch	0.0275
	Haut	0.0000
	Hepatisch	0.0000
	Herz-Blutgefuesse	0.0925
	Lunge	0.0831
45	Nebenniere	0.0000
	Niere	0.0803
	Placenta	0.0667
	Prostata	0.0249
	Sinnesorgane	0.0000

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN	
	%Haeufigkeit	
55	Brust	0.0000
	Eierstock_n	0.0000
	Eierstock_t	0.0000
	Endokrines_Gewebe	0.0000
	Foetal	0.0006
	Gastrointestinal	0.0122
60	Haematopoetisch	0.0000
	Haut-Muskel	0.0000
	Hoden	0.0077
	Lunge	0.0000
	Nerven	0.0040
65	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000
	Uterus_n	0.0000

Elektronischer North für SEQ. ID. NO: 25

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0429	0.0486	0.8832	1.1323
	Brust	0.0435	0.0771	0.5643	1.7720
	Duenndarm	0.0307	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0389	0.0833	0.4677	2.1381
	Endokrines_Gewebe	0.0460	0.0301	1.5283	0.6543
10	Gastrointestinal	0.0287	0.0971	0.2958	3.3803
	Gehirn	0.0347	0.0534	0.6507	1.5367
	Haematopoetisch	0.0869	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0551	0.0847	0.6498	1.5389
	Hepatisch	0.0143	0.0194	0.7353	1.3600
15	Herz	0.0466	0.0137	3.3923	0.2948
	Hoden	0.0173	0.0935	0.1845	5.4203
	Lunge	0.0457	0.0613	0.7451	1.3421
	Magen-Speiseroehre	0.0290	0.0153	1.8908	0.5289
	Muskel-Skelett	0.0223	0.1140	0.1954	5.1183
20	Niere	0.0407	0.0137	2.9739	0.3363
	Pankreas	0.0314	0.0442	0.7105	1.4075
	Penis	0.0779	0.0533	1.4601	0.6849
	Prostata	0.0458	0.0617	0.7412	1.3491
	Uterus_Endometrium	0.0473	0.0000	undef	0.0000
25	Uterus_Myometrium	0.0305	0.1087	0.2806	3.5642
	Uterus_allgemein	0.0357	0.0954	0.3736	2.6765
	Brust-Hyperplasie	0.0256			
	Prostata-Hyperplasie	0.0803			
	Samenblase	0.0801			
30	Sinnesorgane	0.0118			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0494			
	Zervix	0.0426			

35		FOETUS	
		%Haeufigkeit	
	Entwicklung	0.0417	
	Gastrointestinal	0.0611	
	Gehirn	0.0626	
40	Haematopoetisch	0.0708	
	Haut	0.0000	
	Hepatisch	0.0260	
	Herz-Blutgefuesse	0.0534	
	Lunge	0.0542	
45	Nebenniere	0.0761	
	Niere	0.0988	
	Placenta	0.0303	
	Prostata	0.0000	
	Sinnesorgane	0.0251	

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN	
		%Haeufigkeit	
	Brust	0.0204	
55	Eierstock_n	0.1595	
	Eierstock_t	0.0101	
	Endokrines_Gewebe	0.0000	
	Foetal	0.0332	
	Gastrointestinal	0.0000	
60	Haematopoetisch	0.0000	
	Haut-Muskel	0.0194	
	Hoden	0.0077	
	Lunge	0.0328	
	Nerven	0.0161	
65	Prostata	0.0068	
	Sinnesorgane	0.0000	
	Uterus_n	0.0291	

Elektronischer Normkern für SEQ. ID. NO: 26

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0000	0.0000	undef	undef
	Duennndarm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef
	Endokrines_Gewebe	3.0675	0.0000	undef	0.0000
10	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn	0.0015	0.0000	undef	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0000	0.0000	undef	undef
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0340	0.0000	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			

35	FOETUS	
	%Haeufigkeit	
	Entwicklung	0.0000
	Gastrointestinal	0.0028
	Gehirn	0.0000
40	Haematopoetisch	0.0000
	Haut	0.0000
	Hepatisch	0.0000
	Herz-Blutgefuesse	0.0000
	Lunge	0.0000
45	Nebenniere	0.0000
	Niere	0.0000
	Placenta	0.0061
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN	
	%Haeufigkeit	
55	Brust	0.0000
	Eierstock_n	0.0000
	Eierstock_t	0.0000
	Endokrines_Gewebe	0.0000
	Foetal	0.0070
	Gastrointestinal	0.0000
60	Haematopoetisch	0.0000
	Haut-Muskel	0.0000
	Hoden	0.0000
	Lunge	0.0000
	Nerven	0.0000
65	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0155
	Uterus_n	0.0250

Elektronischer Northridge für SEQ. ID. NO: 27

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0039	0.0230	0.1695	5.8999
	Brust	0.0179	0.0395	0.4537	2.2042
	Duennndarm	0.0061	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0300	0.0130	2.3025	0.4343
	Endokrines_Gewebe	0.0068	0.0251	0.2717	3.6805
10	Gastrointestinal	0.0077	0.0093	0.8283	1.2072
	Gehirn	0.0015	0.0092	0.1600	6.2504
	Haematopoetisch	0.0053	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0194	0.0000	undef
15	Herz	0.0032	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0083	0.0368	0.2258	4.4288
	Magen-Speiserohre	0.0290	0.0230	1.2605	0.7933
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0060	0.0000	undef
20	Niere	0.0136	0.0068	1.9826	0.5044
	Pankreas	0.0000	0.0276	0.0000	undef
	Penis	0.0030	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0065	0.0128	0.5118	1.9538
	Uterus_Endometrium	0.0473	0.0000	undef	0.0000
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0340	0.0000	undef
	Uterus_allgemein	0.0051	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0030			
	Samenblase	0.0089			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0213			

35		FOETUS	
		%Haeufigkeit	
	Entwicklung	0.0139	
	Gastrointestinal	0.0278	
	Gehirn	0.0125	
40	Haematopoetisch	0.0079	
	Haut	0.0000	
	Hepatisch	0.0000	
	Herz-Blutgefuesse	0.0320	
	Lunge	0.0289	
45	Nebenniere	0.0000	
	Niere	0.0185	
	Placenta	0.0000	
	Prostata	0.0997	
	Sinnesorgane	0.0000	

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN	
		%Haeufigkeit	
55	Brust	0.0000	
	Eierstock_n	0.0000	
	Eierstock_t	0.0304	
	Endokrines_Gewebe	0.0245	
	Foetal	0.0029	
	Gastrointestinal	0.0122	
60	Haematopoetisch	0.0114	
	Haut-Muskel	0.0097	
	Hoden	0.0000	
	Lunge	0.0164	
	Nerven	0.0020	
65	Prostata	0.0068	
	Sinnesorgane	0.0000	
	Uterus_n	0.0000	

Elektronischer Nachschlüssel für SEQ. ID. NO: 28

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0195	0.0383	0.5085	1.9666
	Brust	0.0256	0.0714	0.3582	2.7919
	Duennndarm	0.0552	0.0331	1.6683	0.5994
	Eierstock	0.0270	0.0468	0.5756	1.7372
	Endokrines_Gewebe	0.0477	0.0451	1.0566	0.9464
10	Gastrointestinal	0.0326	0.0324	1.0058	0.9942
	Gehirn	0.0503	0.0277	1.8132	0.5515
	Haematopoetisch	0.0201	0.1894	0.1059	9.4460
	Haut	0.0367	0.2542	0.1444	6.9252
	Hepatisch	0.0476	0.0388	1.2255	0.8160
15	Herz	0.0699	0.0550	1.2721	0.7861
	Hoden	0.0173	0.1403	0.1230	8.1305
	Lunge	0.0395	0.0818	0.4826	2.0720
	Magen-Speiseroehre	0.0676	0.0613	1.1030	0.9066
	Muskel-Skelett	0.0394	0.0300	1.3135	0.7613
20	Niere	0.0462	0.0616	0.7490	1.3351
	Pankreas	0.0347	0.0607	0.5711	1.7510
	Penis	0.0509	0.1600	0.3182	3.1424
	Prostata	0.0327	0.0149	2.1935	0.4559
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0076	0.0543	0.1403	7.1284
	Uterus_allgemein	0.0357	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0192			
	Prostata-Hyperplasie	0.0565			
	Samenblase	0.0445			
30	Sinnesorgane	0.0941			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0390			
	Zervix	0.0319			

35	FOETUS	
	%Haeufigkeit	
	Entwicklung	0.0557
	Gastrointestinal	0.0194
	Gehirn	0.0188
40	Haematopoetisch	0.0197
	Haut	0.0000
	Hepatisch	0.0000
	Herz-Blutgefuesse	0.0320
	Lunge	0.0325
45	Nebenniere	0.0000
	Niere	0.0371
	Placenta	0.0242
	Prostata	0.0997
	Sinnesorgane	0.0000

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN	
	%Haeufigkeit	
55	Brust	0.0340
	Eierstock_n	0.0000
	Eierstock_t	0.0101
	Endokrines_Gewebe	0.0000
	Foetal	0.0396
	Gastrointestinal	0.0244
60	Haematopoetisch	0.0000
	Haut-Muskel	0.0778
	Hoden	0.0000
	Lunge	0.0000
	Nerven	0.0231
65	Prostata	0.0479
	Sinnesorgane	0.0697
	Uterus_n	0.0291

Elektronischer North für SEQ. ID. NO: 29

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0663	0.0358	1.8523	0.5399
	Brust	0.0512	0.0489	1.0470	0.9551
	Duenndarm	0.0368	0.0496	0.7415	1.3487
	Eierstock	0.0779	0.0728	1.0690	0.9354
	Endokrines_Gewebe	0.0562	0.0326	1.7242	0.5800
10	Gastrointestinal	0.0345	0.0370	0.9319	1.0731
	Gehirn	0.0392	0.0524	0.7482	1.3366
	Haematopoetisch	0.0602	0.0379	1.5880	0.6297
	Haut	0.0587	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0095	0.0647	0.1471	6.7999
15	Herz	0.0583	0.0550	1.0601	0.9433
	Hoden	0.0173	0.1520	0.1135	8.8080
	Lunge	0.0208	0.0491	0.4234	2.3620
	Magen-Speiserohre	0.0387	0.0460	0.8404	1.1900
	Muskel-Skelett	0.0360	0.0420	0.8567	1.1673
20	Niere	0.0380	0.0616	0.6168	1.6213
	Pankreas	0.0314	0.0884	0.3552	2.8150
	Penis	0.0689	0.0267	2.5833	0.3871
	Prostata	0.0436	0.0490	0.8901	1.1235
	Uterus_Endometrium	0.0541	0.0000	undef	0.0000
25	Uterus_Myometrium	0.0381	0.1155	0.3301	3.0296
	Uterus_allgemein	0.0815	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0831			
	Prostata-Hyperplasie	0.0446			
	Samenblase	0.0801			
30	Sinnesorgane	0.0353			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0520			
	Zervix	0.0532			

35		FOETUS	
		%Haeufigkeit	
	Entwicklung	0.0000	
	Gastrointestinal	0.0389	
	Gehirn	0.0188	
40	Haematopoetisch	0.0472	
	Haut	0.0000	
	Hepatisch	0.0260	
	Herz-Blutgefuesse	0.0498	
	Lunge	0.0614	
45	Nebenniere	0.0254	
	Niere	0.0741	
	Placenta	0.0364	
	Prostata	0.0499	
	Sinnesorgane	0.0000	

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN	
		%Haeufigkeit	
	Brust	0.0000	
55	Eierstock_n	0.1595	
	Eierstock_t	0.0203	
	Endokrines_Gewebe	0.0000	
	Foetal	0.0093	
	Gastrointestinal	0.0366	
60	Haematopoetisch	0.0000	
	Haut-Muskel	0.0130	
	Hoden	0.0000	
	Lunge	0.0164	
	Nerven	0.0120	
65	Prostata	0.0205	
	Sinnesorgane	0.0000	
	Uterus_n	0.0208	

Elektronischer Normen für SEQ. ID. NO: 30

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0078	0.0000	undef	0.0000
	Brust	0.0013	0.0000	undef	0.0000
	Duennndarm	0.0092	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0034	0.0000	undef	0.0000
10	Gastrointestinal	0.0019	0.0000	undef	0.0000
	Gehirn	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0011	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0010	0.0000	undef	0.0000
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0109	0.0021	5.1181	0.1954
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0340	0.0000	undef
	Uterus_allgemein	0.0102	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0089			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			

		FOETUS
		%Haeufigkeit
35	Entwicklung	0.0000
	Gastrointestinal	0.0000
	Gehirn	0.0000
40	Haematopoetisch	0.0000
	Haut	0.0000
	Hepatisch	0.0000
	Herz-Blutgefuesse	0.0000
	Lunge	0.0000
45	Nebenniere	0.0000
	Niere	0.0000
	Placenta	0.0000
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
		%Haeufigkeit
55	Brust	0.0000
	Eierstock_n	0.0000
	Eierstock_t	0.0000
	Endokrines_Gewebe	0.0000
	Foetal	0.0000
	Gastrointestinal	0.0000
60	Haematopoetisch	0.0000
	Haut-Muskel	0.0000
	Hoden	0.0000
	Lunge	0.0000
	Nerven	0.0000
65	Prostata	0.0068
	Sinnesorgane	0.0000
	Uterus_n	0.0000

Elektronischer Nort für SEQ. ID. NO: 31

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0051	0.0000	undef
	Brust	0.0038	0.0019	2.0416	0.4898
	Duennndarm	0.0031	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0030	0.0104	0.2878	3.4745
	Endokrines_Gewebe	0.0034	0.0100	0.3396	2.9444
10	Gastrointestinal	0.0057	0.0046	1.2425	0.8048
	Gehirn	0.0111	0.0051	2.1599	0.4630
	Haematopoetisch	0.0040	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0048	0.0000	undef	0.0000
15	Herz	0.0095	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0058	0.0000	undef	0.0000
	Lunge	0.0042	0.0102	0.4064	2.4605
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0034	0.0060	0.5711	1.7510
20	Niere	0.0163	0.0068	2.3791	0.4203
	Pankreas	0.0017	0.0000	undef	0.0000
	Penis	0.0090	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0022	0.0021	1.0236	0.9769
	Uterus_Endometrium	0.0135	0.0000	undef	0.0000
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0340	0.0000	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0224			
	Prostata-Hyperplasie	0.0030			
	Samenblase	0.0089			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0061			
	Zervix	0.0213			

35		FOETUS	
		%Haeufigkeit	
	Entwicklung	0.0000	
	Gastrointestinal	0.0028	
	Gehirn	0.0125	
40	Haematopoetisch	0.0000	
	Haut	0.0000	
	Hepatisch	0.0000	
	Herz-Blutgefuesse	0.0036	
	Lunge	0.0036	
45	Nebenniere	0.0254	
	Niere	0.0062	
	Placenta	0.0303	
	Prostata	0.0000	
	Sinnesorgane	0.0126	

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN	
		%Haeufigkeit	
55	Brust	0.0000	
	Eierstock_n	0.0000	
	Eierstock_t	0.0000	
	Endokrines_Gewebe	0.0000	
	Foetal	0.0000	
	Gastrointestinal	0.0000	
60	Haematopoetisch	0.0000	
	Haut-Muskel	0.0000	
	Hoden	0.0000	
	Lunge	0.0082	
	Nerven	0.0000	
65	Prostata	0.0000	
	Sinnesorgane	0.0000	
	Uterus_n	0.0000	

2.2 Fisher-Test

Um zu entscheiden, ob eine Partial-Sequenz S eines Gens in einer Bibliothek für Normal-Gewebe signifikant häufiger oder seltener vorkommt als in einer Bibliothek für entartetes Gewebe, wird Fishers Exakter Test, ein statistisches Standardverfahren (Hays, W. L., (1991) Statistics, Harcourt Brace College Publishers, Fort Worth), durchgeführt.

Die Null-Hypothese lautet: die beiden Bibliotheken können bezüglich der Häufigkeit zu S homologer Sequenzen nicht unterschieden werden. Falls die Null-Hypothese mit hinreichend hoher Sicherheit abgelehnt werden kann, wird das zu S gehörende Gen als interessanter Kandidat für ein Krebs-Gen akzeptiert, und es wird im nächsten Schritt versucht, eine Verlängerung seiner Sequenz zu erreichen.

Beispiel 3

Automatische Verlängerung der Partial-Sequenz

Die automatische Verlängerung der Partial-Sequenz S vollzieht sich in drei Schritten:

1. Ermittlung aller zu S homologen Sequenzen aus der Gesamtmenge der zur Verfügung stehenden Sequenzen mit Hilfe von BLAST
2. Assemblierung dieser Sequenzen mittels des Standardprogramms GAP4 (Bonfield, J. K., Smith, K. F., und Staden R. (1995), Nucleic Acids Research 23 4992-4999) (Contig-Bildung).
3. Berechnung einer Konsens-Sequenz C aus den assemblierten Sequenzen

Die Konsens-Sequenz C wird im allgemeinen länger sein als die Ausgangssequenz S . Ihr elektronischer Northern-Blot wird demzufolge von dem für S abweichen. Ein erneuter Fisher-Test entscheidet, ob die Alternativ-Hypothese der Abweichung von einer gleichmäßigen Expression in beiden Bibliotheken aufrechterhalten werden kann. Ist dies der Fall, wird versucht, C in gleicher Weise wie S zu verlängern. Diese Iteration wird mit der jeweils erhaltenen Konsensus-Sequenzen C_i (i : Index der Iteration) fortgesetzt, bis die Alternativ-Hypothese verworfen wird (if H_0 Exit; Abbruchkriterium I) oder bis keine automatische Verlängerung mehr möglich ist (while $C_i > C_{i-1}$; Abbruchkriterium II).

Im Fall des Abbruchkriteriums II bekommt man mit der nach der letzten Iteration vorliegenden Konsens-Sequenz eine komplette oder annähernd komplette Sequenz eines Gens, das mit hoher statistischer Sicherheit mit Krebs in Zusammenhang gebracht werden kann.

Analog der oben beschriebenen Beispiele konnten die in der Tabelle I beschriebenen Nukleinsäure-Sequenzen aus Uterusmyomgewebe gefunden werden.

5 Ferner konnten zu einzelnen Nukleinsäure-Sequenzen die Peptidsequenzen (ORF's) bestimmt werden, die in der Tabelle II aufgeführt sind, wobei wenigen Nukleinsäure-Sequenzen kein Peptid zugeordnet werden kann und einigen Nukleinsäure-Sequenzen mehr als ein Peptid zugeordnet werden kann. Wie bereits oben erwähnt, sind sowohl die ermittelten Nukleinsäure-Sequenzen, als auch die den Nukleinsäure-Sequenzen zugeordneten Peptid-Sequenzen Gegenstand der vorliegenden Erfindung.

TABELLE I

Sequenz ID No.:	Wahrscheinlichkeit für eine spezif. Expression im Tumorgewebe	Funktion	Länge des Ausgangs-EST in Basen	Länge der angemeldeten Sequenz in Basen	Chromosomale Lokalisation
1	97,79	Human mRNA for ornithine decarboxylase antizyme	288	779	
2	96,72	Human MEST mRNA	276	2310	
3	99,94	Human cocaine and amphetamine regulated transcript CART (hCART)	243	854	
4	99,12	Human microfilament-associated glycoprotein (MFAP2)	291	1112	
5	96,43	Human mRNA for KIAA0108 gene	181	1051	
6	100,00	Human SPARC/osteonectin	238	1516	
7	96,72	Homo sapiens splicing factor, arginine/serine-rich 7 (SFRS7)	180	2367	
8	90,08	Human triosephosphate isomerase	268	568	
9	92,98	Human nuclear ribonucleoprotein particle (hnRNP) C	283	1775	
10	99,91	Human thymosin beta-4	277	509	
11	99,88	Human growth hormone-dependent insulin-like growth factor-binding protein mRNA	258	2191	
12	99,69	Human H19	313	1769	
13	94,47	Human cellular retinoic acid-binding protein II (CRABP)	248	1026	
14	92,61	unbekannt	273	676	
15	93,54	unbekannt	286	1254	
16	96,72	Homolog zu Homo sapiens mRNA for putatively prenylated protein	253	537	
17	90,08	unbekannt	260	823	
18	95,77	Humanes Homolog zu P. vivax pva1 gene	261	1082	
19	97,66	Human lumican mRNA	259	1548	
20	99,78	Human 37 kD laminin receptor precursor/p40 ribosome associated protein	192	844	
21	92,95	Human YMP	256	862	
22	93,54	Human NADH:ubiquinone oxidoreductase MLRQ subunit	302	546	
23	92,98	Human mRNA for coupling protein G(s) alpha-subunit	268	1591	
24	90,08	Human hnRNP core protein A1	266	441	
25	97,74	Human HMG-17 gene for non-histone chromosomal protein	273	1131	
26	93,54	H.sapiens mRNA for prolactin (clone PRL205)	324	1071	

Sequenz ID No.:	Wahrscheinlichkeit für eine spezif. Expression im Tumor- gewebe	Funktion	Länge des Ausgangs-EST in Basen	Länge der angemeldeten Sequenz in Basen	Chromosomale Lokalisation
27	93,54	Human mRNA for neurite outgrowth-promoting protein.	296	896	
28	95,82	H.sapiens mRNA for proliferation-associated gene (pag)	304	1050	
29	96,96	H.sapiens alpha NAC	315	581	
30	93,54	unbekannt	264	264	
31	93,54	unbekannt	111	111	

TABELLE II

DNA-Sequenz n
Seq. ID. No.

Peptid-Sequenz n (ORF's)
Seq. ID. No.

5

14

32

33

34

15

35

36

37

16

38

39

17

40

41

42

18

43

44

45

30

46

47

31

48

49

50

51

Die erfinderischen Nukleinsäure-Sequenzen Seq. ID No. 1 bis Seq. ID No. 31 der
ermittelten Kandidatengene und die ermittelten Aminosäure-Sequenzen Seq. ID No. 32
bis Seq. ID No. 51 werden in dem nachfolgenden Sequenzprotokoll beschrieben.

10

Sequenzprotokoll

(1) ALLGEMEINE INFORMATION:

15

(i) ANMELDER:

(A) NAME: metaGen - Gesellschaft für Genomforschung mbH

(B) STRASSE: Ihnestrasse 63

(C) STADT: Berlin

20

(E) LAND: Deutschland

(F) POST CODE (ZIP): D-14195

(G) TELEFON: (030)-8413 1673
(H) TELEFAX: (030)-8413 1674

5

(ii) TITEL DER ERFINDUNG: Menschliche Nukleinsäure-Sequenzen aus Uterusmyomgewebe

(iii) Anzahl der Sequenzen: 51

10

(iv) COMPUTER READABLE FORM:

(A) MEDIUM TYPE: Floppy disk

(B) COMPUTER: IBM PC compatible

(C) OPERATING SYSTEM: PC-DOS/MS-DOS

15

(D) SOFTWARE: PatentIn Release #1.0, Version #1.25 (EPO)

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 1:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 779 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

25

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

30

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

35

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:1

40

```

agcgagcagc ggcggcgggc cggagagacg cagcggaggt tttcctgggt tcggacccca 60
gcggccggat ggtgaaatcc tccctgcagc ggatcctcaa tagccactgc ttcgccagag120
agaaggaagg ggataaacc agcgccacca tccacgccag ccgcaccatg ccgctcctaa180
gcctgcacag ccgcggcggc agcagcagtg agagtccag ggtctccctc cactgctgta240
45 gtaaccgggg tccggggcct cggtggtgct cctgatgcc ctcacccacc cctgaagatc300
ccaggtgggc gaggggaatag tcaaaggac cacaatcttt cagctaactt attctactcc360
gatgatcggc tgaatgtaac agaggaacta acgtccaacg acaagacgag gattctcaac420
gtccagtcca ggctcacaga cgccaaacgc attaaactggc gaacagtgct gagtggcggc480
actgctctac atcgagatcc cgggcggcgc gctgcccag gggagcaagg acagctttgc540
50 agttctcctg ggagttcgct gaggagcagc tgcgaggccg accatgtctt aatttgcttc600
cacaagaacc ccgaggacag agccgccttg ctccgaacct tcagcttttt cgggcttgag660
atthttgagac cggggcatcc ctttgttcc ccaagagacc cgacgcttgc ttcattggggcc720
tacaagtttc gagagagagt ctttggggag aggaagaagg attagggggc gcgtcgggt 779

```

(2) INFORMATION ER SEQ ID NO: 2:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 2310 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:2

```

25  gttctccgaa  acatggagtc  ctgtaggcaa  ggtcttacct  gaatcaggat  gagggagtg  60
    tgggtccagg  tggggctgct  ggccgtgccc  ctgcttgctg  cgtacctgca  catcccaccc  120
    cctcagcgct  cccctgccc  tcactcatgg  aagctctcag  gcaagttttt  cacttacaag  180
    ggactgcgta  tcttctacca  agactctgtg  ggtgtggttg  gaagtccaga  gatagttgtg  240
    cttttacacg  gttttccaac  atccagctac  gactgggtaca  agatttgga  aggtctgacc  300
30  ttgaggtttc  atcgggtgat  tgcccttgat  ttcttaggct  ttggcttcag  tgacaaaccg  360
    agaccacatc  actattccat  atttgagcag  gccagcatcg  tggaagcgct  tttgoggcat  420
    ctggggctcc  agaaccgcag  gatcaacctt  ctttctcatg  actatggaga  tattgttgct  480
    caggagcttc  tctacaggta  caagcagaat  cgatctggtc  ggcttaccat  aaagagtctc  540
    tgtctgtcaa  atggaggtat  ctttcctgag  actcaccgtc  cactccttct  ccaaaagcta  600
35  ctcaaagatg  gaggtgtgct  gtcacccatc  ctcacacgac  tgatgaactt  ctttgtattc  660
    tctcgaggtc  tcacccagtc  ctttggcg  tatactcggc  cctctgagag  tgagctgtgg  720
    gacatgtggg  cagggatccg  caacaatgac  gggaacttag  tcattgacag  tctcttacag  780
    tacatcaatc  agaggaagaa  gttcagaagg  cgctgggtgg  gagctcttgc  ctctgtaact  840
    atccccattc  attttatcta  tgggccattg  gatcctgtaa  atccctatcc  agagtttttg  900
    gagctgtaca  ggaaaacgct  gccgcggtcc  acagtgtcga  ttctggatga  ccacattagc  960
    cactatccac  agctagagga  tcccatgggc  ttcttgaatg  catatatggg  cttcatcaac  1020
    tccttctgag  ctggaaagag  tagcttccct  gtattacctc  ccctactccc  ttatgtgttg  1080
    tgtattccac  ttaggaagaa  atgccccaaa  gaggtcctgg  ccatcaaaca  taattctctc  1140
    acaaagtcca  ctttactcaa  attggtgaac  agtgtatagg  aagaagccag  caggagctct  1200
45  gactaagggt  gacataatag  tccacctccc  attactttga  tatctgatca  aatgtataga  1260
    cttggctttg  ttttttgtgc  tattaggaaa  ttctgatgag  cttactatt  cactgatgca  1320
    gaaagacgtt  cttttgcata  aaagactttt  tttaacactt  tggacttctc  tgaaatattt  1380
    agaagtgcta  atttctggcc  ccccccaac  aggaattcta  tagtaagggg  gaggagaagg  1440
    ggggctcctt  ccctctctc  gaatgacgtt  atgggcacat  gccttttaaa  agttctttaa  1500
50  gcaacacaga  gctgagtcct  ctttgtcata  ctttggtatt  tagtgtttca  tcagctgttt  1560
    ttagttataa  acattttgtt  aaaatagata  ttggtttaaa  tgatacagta  ttttaggtat  1620
    gatttaagac  tatgatttac  ctatacatta  tatataattt  ataaagatac  taaaccagca  1680
    tacccttact  ctgccagagt  agtgaagcta  attaaacacg  tttggtttct  gaataaattg  1740
    aactaaatcc  aaactatttc  ctaaaatcac  aggacattaa  ggaccaatag  catctgtgcc  1800
55  agagatgtac  tgttattagc  ttggaagacc  aattctaaca  gcaaataaca  gtctgagact  1860
    cctcatacct  cagtgttag  aagcatgtct  ctcttgagct  acagtagagg  ggaagggtat  1920
    gttgtgtagt  caagtcacca  tgcgtgaatg  acactgattc  ctttatgatg  actgcttaac  1980
    tccccactgc  ctgtcccaga  gaggttttcc  aatgtagctc  agtaattcct  gttactttac  2040

```

agacaggaaa gticc...aa ctttaagaac aaactctgaa agac...ga gcaaattggtg2100
 ctgaatactt ttttt...aa gccacatttc attgtcttag tcaaagcagg attattaagt2160
 gattatttaa aattcgtttt tttaaattag caacttcaag tataacaact ttgaaactgg2220
 aataagtgtt tattttctat taataaaaaat gaattgtgac aaaaaaaaaa aaaggcttcg2280
 gcttttgaag tctatgtgtg ggggggggggt 2310

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 3:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 854 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:3

ctgcacgggg gctcgggctc actataaaag gtgggagcgc gtggtgcccc agcaacgacg 60
 agtttcagaa cgatggagag ctcccgcggtg aggctgctgc cctcctggtg cgccgcccctg120
 ctgctgatgc tacctctgtt gggtagccgt gccagaggag acgccgagct ccagccccga180
 gccctggaca tctactctgc cgtggatgat gcctccacag agaaggagct gatcgaagcg240
 ctgcaagaag tcttgaagaa gctcaagagt aaacgtgttc ccatctatga gaagaagtat300
 ggccaagtcc ccatgtgtga cgccgggtgag cagtgtgcag tgaggaaagg ggcaaggatc360
 gggaagctgt gtgactgtcc ccgaggaacc tctgcaatt ccttctctct gaagtgtta420
 tgaaggggag tccattctcc tccatacatc cccatccctc tactttcccc agaggaccac480
 accttctctc ctggagtttg gcttaagcaa cagataaagt ttttattttc ctctgaagg540
 aaagggtctt tttcctgctg tttcaaaaat aaaagaacac attagatgtt actgtgtgaa600
 gaataatgcc ttgtatggtg ttgatacgtg tgtgaagtat tcttatttta tttgtctgac660
 aaactcttgt gtacctttgt gtaaagaagg gaagctttgt ttgaaaattg tattttttgta720
 tgtggcatgg cagaatgaaa attagatcta gctaattctg gtatagtgta ttacaacctg780
 gaaaataaat caccctaagt gacacaaatt gaagcatgta caaattatac ataataaagt840
 gtttttaata attg 854

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 4:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 1112 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 4

```

cgccagcccc gtcggggggc cggagggggac tcggagcggg ccaagggggc gctccggcgg 60
gcggactcgg agcggggcgg ggagtgaccc ggacagctgt cctctctgac accaccccg 120
cctgcctctt tgttgccatg agagctgcct acctcttcct gctattcctg cctgcaggct 180
tgctggctca gggccagtat gacctggacc cgctgccgcc gttccctgac cacgtccagt 240
acacccacta tagcgaccag atcgacaacc cagactacta tgattatcaa gagtgactc 300
ctcggccctc cgaggaacag ttccagttcc agtcccagca gcaagtccaa caggaagtca 360
tcccagcccc aacccagaa ccaggaaatg cagagctgga gccacagag cctgggcctc 420
ttgactgccg tgaggaacag taccgtgca cccgcctcta ctccatacac aggccttgca 480
aacagtgtct caacgaggtc tgcttctaca gcctccgccg tgtgtacgtc attaacaagg 540
agatctgtgt tcgtacagtg tgtgcccatg aggagctcct ccgagctgac ctctgtcggg 600
acaagttctc caaatgtggc gtgatggcca gcagcggcct gtgccaatcc gtggcggcct 660
cctgtgccag gagctgtggg agctgctagg gtggtgctgg catcctgagt cctggccctc 720
ctgggatctg gggccctcgg gccctgcctg acctggtgct tttttcccca tcccatgtt 780
ccttttattc tgtaaaaagt tagtggtactg cagccctggg ggttgaggc tcgggtgcct 840
caggccccct cttcagcctg tggccacctc tggggcacga tgggggctcc ccactgcccc 900
gtctgcccc cgggttgggg gagtatccca ggcctctctg tgggacctg ggccctgacg 960
ggccttctca gcccgttttg aggacagaca gtcccccgag gtaggtaca tccccccacc 1020
ccagctgggtc tgcttggtt tctacagcc cccgtgggca tggaccacct ttattttata 1080
caaaattaaa aacaagtttt tacaaaaaaa aa 1112

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 5:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1051 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 844 Basenpaare
 (B) TYP: Nukleinsäure
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
 (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 20

```

acctgcagag ggggtccatac ggcgttggttc tggattcccg tcgtaactta aagggaatt 60
ttcacaaatgt ccggagccct tgatgtcctg caaatgaagg aggaggatgt ccttaagttc120
cttgcagcag gaaccactt aggtggcacc aatcttgact tccagatgga acagtacatc180
tataaaagga aaagtgatgg catctatatc ataaatctca agaggacctg ggagaagctt240
ctgctggcag ctctgtgcaat tggtgccatt gaaaaccctg ctgatgtcag tggtatatcc300
tccaggaata ctggccagag ggctgtgctg aagtttgctg ctgccactgg agccactcca360
30 attgctggcc gcttcactcc tggaaccttc actaaccaga tccaggcagc cttccgggag420
ccacggcttc ttgtggttac tgaccccagg gctgaccacc agcctctcac ggaggcatct480
tatgttaacc tacctaccat tgcgctgtgt aacacagatt ctctctcg ctatgtggac540
attgcaatcc catgcaacaa caaggtaatg attttaggat cttagagttg tgaatgcgtg600
ctctagaaaa aacattcctg tgcacattgt tagagcttg agttgaggct actgactggc660
35 cgatgaactc gcaagtgtag gtagtgtgct acatgagggg caagttttcg ctaacaccac720
aagggtctct ggccaatga gtggagtttg atagtaattc ttgctacaag tataacatta780
ctgcatgaca gctttgtgga gaaatgaaaa catttggaat atagtgtgtt ctctgccttg840
tcca                                     844

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 21:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 862 Basenpaare
 (B) TYP: Nukleinsäure
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 21

10 gagcaagaga gaaggaggcc cagacagtga gggcaggagg gagagaagag acgcagaagg 60
agagcgaagc agagagaaag ggttctggat tgggggggag agcaagggag ggaggaaggc120
ggtgagagag gcgggggcct cgggagggtg aaagggggga ggagaagggc ggggcacgga180
ggcccgaagc agggacaaga ctccgactcc agctctgact ttttctcgcg ctctcggtt240
ccactgcagc catgtcactc ctcttgctgg tggctcagc cttcacatc ctcatctta300
tactgctttt cgtggccact ttggacaagt cctggtggac tctccctggg aaagagtccc360
15 tgaatctctg gtacgactgc acgtggaaca acgacaccaa aacatgggac tgcagtaatg420
tcagcgagaa tggctggctg aaggcgggtg aggtcctcat ggtgctctcc ctcatctct480
gctgtctctc cttcatcctg ttcattgttc agctctacac catgcgacga ggaggtctct540
tctatgccac cggcctctgc cagcttttga ccagcgtggc ggtgtttact ggcgccttga600
tctatgccat tcacgccgag gagatcctgg agaagcaccg gcgagggggc agcttcggat660
20 actgcttcgc cctggcctgg gtggccttcc ccctcgccct ggtcagcggc atcatctaca720
tccacctacg gaagcgggag tgagcgcccc gcctcgctcg gctgcccccg ccccttccc780
gccccctcg ccgcgctcc tccaaaaaat aaaaccttaa ccgcggggaa aaaaaaaaaa840
aaaaaggaag gaaaaaaaaa aa 862

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 22:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 546 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:22

50 cccagccaag ggtccttcag gtaggaggtc ctgggtgact ttggaagtcc gtagtgtctc 60
attgcagata attttttagct tagggcctgg tggctaggtc ggttctctcc tttccagtcg120
gagacctctg ccgcaaacat gctccgccag atcatcggtc aggccaagaa gcatccgagc180
ttgatcccc tctttgtatt tattggaact ggagctactg gagcaacact gtatctcttg240
cgtctggcat tgttcaatcc agatgtttgt tgggacagaa ataaccaga gccctggaac300
55 aaactgggtc ccaatgatca atacaagttc tactcagtga atgtggatta cagcaagctg360
aagaaggaac gtccagatct ctaaataaaa tgtttacta taacgctgct ttagaatgaa420

gggtcttccag aagccacatc cgcacaattt tccacttaac caggaaat ttctcctctt480
 aaatgaatga aatcaatc ggggggcgct attggaagcc ctattg tcaagtgttg540
 aataaa 546

5

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 23:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

10

- (A) LÄNGE: 1591 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

15

- (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

20

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

25

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 23

30

35

45

50

55

```

gccgaggagc cgagcccgcc accccccgc cgcgccgccc cgcgccatggg ctgcctcggg 60
aacagtaaga ccgaggacca ggcgaacgag gagaaggcgc aggtgaggcc aacaaaaaga 120
tcgagaagca gctgcagaag gacaagcagg tctaccgggc cacgcaccgc ctgctgctgc 180
tgggtgctgg agaactcgtt aaaagcacca ttgtgaagca gatgaggatc ctgcatgtta 240
atgggtttta tggagacagt gagaaggcaa ccaaagtgca ggacatcaaa aacaacctga 300
aagaggcgat tgaaaccatt gtggccgcca tgagcaacct ggtgcccccc gtggagctgg 360
ccaaccccca gaaccagttc agagtggact acattctgag tgtgatgaac gtgcctgact 420
ttgacttccc tcccgaattc tatgagcatg ccaaggctct gtgggaggat gaaggagtgc 480
gtgcctgcta cgaacgctcc aacgagtacc agctgattga ctgtgccag tacttcctgg 540
acaagatcga cgtgatcaag caggctgact atgtgccgag cgatcaggac ctgcttcgct 600
gccgtgtcct gacttctgga atctttgaga ccaagttcca ggtggacaaa gtcaacttcc 660
acatgtttga cgtgggtggc cagcgcgatg aacgccgcaa gtggatccag tgcttcaacg 720
atgtgactgc catcatcttc gtggtggcca gcagcagcta caacatggtc atccgggagg 780
acaaccagac caaccgctg caggaggctc tgaacctctt caagagcatc tggacaaca 840
gatggctgcg caccatctct gtgatcctgt tctcaacaa gcaagatctg ctgctgaga 900
aagtccttgc tgggaaatcg aagattgagg actactttcc agaatttgct cgctacacta 960
ctcctgagga tgctactccc gagcccgagg aggacccacg cgtgaccgga gccaaagtact 1020
tcattcgaga tgagtttctg aggatcagca ctgccagtgg agatgggcgt cactactgct 1080
accctcattt cacctgcgct gtggacactg agaacatccg ccgtgtgttc aacgactgcc 1140
gtgacatcat tcagcgcgat caccttcgtc agtacgagct gctctaagaa gggaaccccc 1200
aaattttaatt aaagccttaa gcacaattaa ttaaaagtga aacgtaattg tacaagcagt 1260
taatcaccca ccatagggca tgattaacaa agcaaccttt cccttcccc gagtgatttt 1320
gcgaaccccc cttttccctt cagcttgctt agatgttcca aatttagaaa gcttaaggcg 1380
gcctacagaa aaaggaaaaa aggccacaaa agttccctct cactttcagt aaaaaataat 1440
aaaacagcag cagcaacaaa ataaaatgaa ataaaagaaa caaatgaaat aaatattgtg 1500
ttgtgcagca ttaaaaaaaa tcaaaataaa aattaaatgt gagcaaagga aaaaaaaaaa 1560
ggcaaaaggg gaaagaagaa aagggggggg g 1591

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 24:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 441 Basenpaare
 (B) TYP: Nukleinsäure
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
 hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
 (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 24

```

ggcaggcaga tacgttcgtc agcttgctcc tttctgcccg tggacgccgc cgaagaagca 60
tcgttaaagt ctctcttcac cctgccgtca tgtctaagtc agagtctcct aaagagcccgl20
aacagctgag gaagctcttc attggagggt tgagctttga aacaactgat gagagcctga180
ggagccatth tgagcaatgg ggaacgctca cggactgtgt ggtaatgaga gatccaaaca240
ccaagcgctc caggggctth gggtttgtca catatgccac tgtggaggag gtggatgcag300
ctatgaatgc aaggccacac aaggtggatg gaagagttgt ggaaccaaag agagctgttt360
cagagaagat ttgaaaagcc aggtgccact tacctgtgaa aaggtatttg ttggtggatt420
aaggagcact tgagacatca c                                     441
  
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 25:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 1131 Basenpaare
 (B) TYP: Nukleinsäure
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
 hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
 (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 25

```

5  cgggaggtga aatccggttc taaccggtcc ggggctccca gcgctataaa aactttataa 60
   acccccccga gcccgagcag tgtgaagaag aggcgagaac gacccccgga ccgaccaaag 120
   ccgcgcgcgc gctgcatccc gcgtccagca cctacgtccc gctgccgtcg ccgccgccac 180
   catgcccgaag agaaaggctg aaggggatgc taaggagat aaagcaaagg tgaaggacga 240
   accacagaga agatccgcga ggttgtctgc taaacctgct cctccaaagc cagagcccaa 300
   gcctaaaaaag gccctgcaa agaagggaga gaaggtaccc aaagggaata agggaaaagc 360
10  tgatgctggc aaggaggga ataaccctgc agaaaatgga gatgccaaa cagaccaggc 420
   acagaaagct gaagtgctg gagatgccaa gtgaagtgtg tgcatttttg ataactgtgt 480
   acttctggtg actgtacagt ttgaaatact attttttatc aagttttata aaaatgcaga 540
   attttgtttt actttttttt tttttttaa agctatgttg ttagcacaca gaacacttca 600
   ttgttgtttt tgggggaagg ggcataatgc actaatagaa tgtctccaaa gctggattga 660
15  tgtggagaaa acacctttcc cttctagttt tgagagactt cctcttggct ccagaggaga 720
   gggattccct gactttgaca cacatggcca ccttggcaca aaagccttgt ggtatagaaa 780
   aacaaatttg tttttatgtc ctcttctccc tttccatctt tcagcataga cttactccc 840
   ttaagcccag acatctgttg agacctgacc cctagtcatt ggttaccagt gtgtcaggca 900
   atctggactt tccagtgat ccactgagat ggcacctgtc aaaagagcag tggttccatt 960
20  tctagattgt ggatcttcag ataaattctg ccattttcat ttcacttcc taaagtcagg 1020
   gtcggcttgt gaaaagttgt taaacaacat gctaaatgtg aaatgtcaac cctcactcta 1080
   aaacttttcc ctgggtcaga ggatccgatg gaggacttca attgggggtt t 1131

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 26:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 1071 Basenpaare
 (B) TYP: Nukleinsäure
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
 (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 26

```

50  gtaccctcaa agacagagac accaagaaga atcggaaacat acaggctttg atatcaaagg 60
   tttataaagc caatatctgg gaaagagaaa accgtgagac ttccagatct tctctggtga 120
   agtgttggtt cctgcaacga tcacgaacat gaacatcaaa ggatcgccat ggaaagggtc 180
   cctcctgctg ctgctggtgt caaacctgct cctgtgccag agcgtggccc ccttgcccat 240
   ctgtcccggc ggggtgccc gatgccaggt gaccttcga gacctgtttg accgcgccgt 300
   cgtcctgtcc cactacatcc ataacctctc ctcaaaaatg ttcagcgaat tcgataaacg 360
   gtatacccat ggccgggggt tcattaccaa ggccatcaac agctgccaca cttcttcctt 420
55  tgccaccccc gaagacaagg agcaagccca acagatgaat caaaaagact ttctgagcct 480
   gatagtcagc atattgcgat cctggaatga gcctctgtat catctggtca cggaagtacg 540
   tggatatgcaa gaagccccgg aggctatcct atccaaagct gtagagattg aggagcaaac 600

```

```

caaacgggctt ctagagca tggagctgat agtcagccag gttcatcctg aaaccaaaga 660
aaatgagatc taccc t ggtcgggact tccatccctg cagat tg atgaagagtc 720
tcgcctttct gcttattata acctgctcca ctgcctacgc agggatcac ataaaatcga 780
caattatctc aagctcctga agtgccgaat catccacaac aacaactgct aagcccacat 840
5 ccatttcatc tatttctgag aaggctccta atgatccgtt ccattgcaag cttcttttag 900
ttgtatctct tttgaatcca tgcttgggtg taacagggtc cctcttaaaa aataaaaact 960
gactccttag agacatcaaa atctaaaaaa acttaatggg ccgggcgagc tggctcatgg1020
ctgtggtccc ggcacttttg gaggccgagg caggcgatc aggaggtcag g 1071

```

10 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 27:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 896 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

15 (C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

20

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

25

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

30

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:27

35

```

gtgaccggct cagaccgggt ctggagacaa aaggggcccgc ggcgcccgga gcgggacggg 60
cccggcgcg gaggagcga agagcgcg ggcgagcga gatgcagcac cgaggcttcc120
tcctcctcac cctcctcgcc ctgctggcgc tcacctccgc ggtcgccaaa aagaaagata180
aggtgaagaa gggcgggccc gggagcgagt gcgctgagtg ggcctggggg ccctgcaccc240
ccagcagcaa ggattgcggc gtgggtttcc gcgagggcac ctgcggggcc cagaccagc300
gcatccgggt caggggtgcc tgcaactgga agaaggagtt tggagccgac tgcaagtaca360
agtttgagaa ctggggtgcg tgtgatggg gcacaggcac caaagtccgc caaggcacc420
tgaagaaggc gcgctacaat gctcagtgcc aggagaccat ccgcgtcacc aagccctgca480
cccccaagac caaagcaaag gccaaagcca agaaaggaa gggaaaggac tagacgcaa540
gcctggatgc caaggagccc ctggtgtcac atggggcctg gcccacgccc tccctctccc600
aggcccgaga tgtgaccac cagtgccttc tgtctgctcg ttagctttaa tcaatcatgc660
45 cctgccttgt cctctcact cccagcccc accctaagt gcccaaagt gggagggaca720
agggattctg ggaagcttga gctccccc aagcaatgtg agtcccagag cccgcttttg780
ttcttcccca caattccatt actaagaaac acatcaaata aactgacttt ttccccccaa840
aaaaagctct tcttttttaa tataaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aagaaa 896

```

50 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 28:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1050 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

55 (C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

5 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

10 (A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

15

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 28

20
25
30
35

```

ttttcatttt tttttttttt tttttctcag ttcaagttta atacaaacta caaaagatta 60
atgggttgct ctactaatat atcatatacaa ccagtagcct gccacaacg ccaactcagg 120
ccatttcctac caaaggaaga aaggctggtc tctccacccc ctgtaggaaa ggccctgcctt 180
gtaagacacc acaattcggc tgaatctgaa gtcttgtgtt ttactaatgg aaaaaaaaaa 240
tacagaagag gttttgttct catggctgcc caccgcagcc tggcactaaa acagcccagc 300
gtcactttct gcttgagaa atattctttg ctcttttgga catcaggcct gatggtatca 360
ctgccagggt tccagccagc tgggcacact tccccatgtt tgtcagtga ctggaaggcc 420
tgaactagtc tcaaagtctc atccacagag cggccaacag ggaggtcatt tacagtgatc 480
tgccgaagaa tacccttatc atcaatgata aaaaggcccc tgaacgagat gccttcatca 540
gcctttaaga ccccataatc ctgagcaatg gtgcgcttcg ggtctgatac caaaggaatg 600
ttcatgggtc ccagtcctcc ttgtttctta ggtgtattga cccatgctag atgacagaag 660
tgagaatcca cagaagcacc aatcacttgg cagttgagtt tcttaaattc ttctgcccta 720
tcaactgaaag caatgatctc cgtggggcac acaaagggtga agtcaagagg gtaaaagaag 780
aacacaacat attttccttt gtagtcagac aggctgatat ctttaaactg accatctggc 840
ataacagctg tggctttgaa gttgggggca gggtgcccaa ttttagcatt tcctgaagac 900
atcttcctat cagcagtcct aacacaagtc gcagaaacta accaccgaca ccaggcaaga 960
acaagacgcg caagagctct ccggggcgct gcctttatag ccagtaggga tctcgccaca 1020
gtcggaaacgg acgggggtgc cggagtagga
1050

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 29:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 581 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

45 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

50 (iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

55

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 29

```

5      caggcttcct tctggcaaca ggcgtgggtc acgctctcgc tcggtctttc tgccgccatc 60
      ttgggttcgc gttccctgca caaatgccc ggcgaacacc agaaaccgtc cctgctacag120
      agcaggagtt gccgcagccc caggctgaga cagggtctgg aacagaatct gacagtgatg180
      aatcagtacc agagcttgaa gaacaggatt ccaccaggc aaccacacaa caagcccagc240
10     tggcggcagc agctgaaatc gatgaagaac cagtcagtaa agcaaaacag agtcggagtg300
      aaaagaaggc acggaaggct atgtccaaac tgggtcttcg gcaggttaca ggagttacta360
      gagtcactat ccggaatct aagaatatcc tctttgtcat cacaaaacca gttgtctaca420
      agagccctgc ttcagatacg tacatagttt ttggggaagc cagatcgaag attatcccag480
      caagcacaac tagcagctgc tgagaagtca agttcagggtg aactgtctca acgttcagga540
15     aacccccggc ttccactgta gagggggagt aaggggaggg t                    581

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 30:

20 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 264 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

25

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

30

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

35

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 30

40

```

      gggactatgt tgtgagcctg cgaaagaagt ttgtgtgggg actgtgggca gtgaatgcgt 60
      tgggaacaat atggaaaact gggagctgcc ctacagttct cccaagtgt gactcacttt120
      cggggtgtcc caaaagcctg attccagggc ctgctagccc gaccccggtg acgcctccac180
45     ccgcgcctgg cccagcctt caccgcgat cgccgcctc cggggcacac cctccgccag240
      aaaacagccg gcgggcggcg agac                    264

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 31:

50 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 111 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

55

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 31

cggcgaatca cttataaatg gcgccgaagc aggagccga aggctaaatt gcaggagggg 60
tgagcgaatg ctgtgctttc atgggcctct tacgttgatg aggcaaagta t 111

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 32:

(A) LÄNGE: 76 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 32:

PFCEETKTER LWPRCRPPAA VGFSTQNPGV GDSESNLFSL PFLGSKANPI PTHWSSALIF60
NLPSPPFQNT HIPFQN 76

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 33:

(A) LÄNGE: 72 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT: 
(A) ORGANISMUS: MENSCH

5 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 33:

SSFLFSFQTQ FHKNRKDKVF SSRQAKPFPH HQSILKIHEE VERSVSGRLK GSSSSNPTAA60
EKIEIEILKI TS 72

10 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 34:

(A) LÄNGE: 70 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
15 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

20

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

25

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 34:

KKLDYFCAEI KNSHCKTKIK IAQIRKPGBA KCQVSKVHFF SLSKRSSTKT ARIKFSVADK60
QSPFHIINQS 70

30

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 35:

(A) LÄNGE: 60 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
35 (C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

40

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

45

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 35:

SSGPAPGCSP FAGTRKNFPS MVVLERTFLK INYIFLCIPM EFQFIRCSPW PPQNTTEVIPA60

50

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 36:

(A) LÄNGE: 63 Aminosäuren
(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 36:

15 ASGVHTETHR YNLLSAKSRK KGWGYLGWLG FDFLLVCLFC TKTVLSFEYR RDISIYMLSN60
QDG 63

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 37:

(A) LÄNGE: 170 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 37:

35 ARAARAAQTP HLTLPADLQT LHLNRPTLSP ESKLEWNNDI PEVNHLNSEH WRKTEKWTGH 60
EETNHLETDF SGDGMTELEL GPSRLQPIR RHPKELPQYG GPGKDIFEDQ LYLPVHSDGI120
SVHQMFMTAT AEHRSNSSIA GKMLTKVEKN HEKEKSQHLE GSASSSLSSD 170

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 38:

(A) LÄNGE: 144 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 38:

5 ARAPTLDMRF RRRLSADPHA TQRNSAEARG TMDGRVQLMK ALLAGPLRPA ARRWRNPIPF 60
 PETFDGDTDR LPEFIVQTCS YMFVDENTFS NDALKVTFLI TRLTGPALQW VIPYIRKESP120
 LLNDYRGFLA EMKRVFGWEE DEDF 144

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 39:

- 10 (A) LÄNGE: 178 Aminosäuren
 (B) TYP: Protein
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

15 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- 20 (vi) HERKUNFT:
 (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 39:

25 HSLGRAPVET LAVATGTANS SQSTRPQARG SPGLEVLVLL PSKDSLHLGQ KAPVIEQGA 60
 LLPDVGDHPL QGWPREAGDE ERHLQGVVGE RVLVHEHVGA RLHDELRESV GISVKRLGKG120
 NRVPATRRG PEGPGQEGH QLHPTVHRAA RLRGVS LGCV GVS AKASPEA HVEGGGPG 178

30 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 40:

- (A) LÄNGE: 89 Aminosäuren
 (B) TYP: Protein
 (C) STRANG: einzel
 35 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- 40 (vi) HERKUNFT:
 (A) ORGANISMUS: MENSCH

45 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 40:

50 KLTGINTGCR NMLALCIRGH AQQIQEIYLA TFSRKGT LGI IHYILEVFLG FFFFFLRQSC60
 CIAQAGSVVA QSQLIASSIT QGLSNPPTL 89

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 41:

- (A) LÄNGE: 95 Aminosäuren
 (B) TYP: Protein
 55 (C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

5 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

10 :

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 41:

15 IVTWKVPMS LCQRPPPFVR IGIFRLLKGL AHIRCDLFIP VVMEGHICQS LESAKAGTRF60
PGPQWGCANP RELGCKFVKV QHHVWQLSIG ARSLP 95

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 42:

(A) LÄNGE: 154 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

25

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

30

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 42:

35 CQLVFRIQTD GSYWSLGLTS SGNITFSWAE MLLPALKQHS VLKTSWQAPG SNTQLPNMML 60
ILHEFATQFS RVCTPPLWAG EPGPGLRRLQ ALADVALHNN GNEKVTPYVR QALKESEYPN120
PHKRRGTLAK THGNFPPSND LDRRATQDSP SCSV 154

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 43:

40

(A) LÄNGE: 79 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

45

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

50

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 43:

LASTLGVETC LPYVSEDMLS RSKRYIWQLF LEKAHWVSFI TFLSFFGGFF FFFETVLLYC60
PGWSVVAQSQ LIASSITQA 79

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 44:

- (A) LÄNGE: 82 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 44:

CQLVFRIQTD GSYWSLGLTS SGNITFSWAE MLLPALKQHS VLKTSWQAPG SNTQLPNMML60
ILHEFATSWL PRLQHSAGVT QS 82

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 45:

- (A) LÄNGE: 68 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 45:

RGSKDRNSGQ GSGSYGQLSC RGFSDQFSRV CTPPLWAGEP GPGLRRLQAL ADVALHNNGN60
EKVTPYVR 68

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 46:

- (A) LÄNGE: 87 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

5

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

10

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 46:

DYVVS LRKKF VWGLWAVNAL GTIWKTGSCP QFLPKLDSLS GCPKSLIPGP ASPTPVTPPP60
APGPSLHPRS PPSGAHPPE NSRRAAR 87

15

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 47:

(A) LÄNGE: 51 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

20

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

25

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

30

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 47:

QALESGFWDT PKVSPTWGET EGSSQFSILF PTHSLPTVPT QTSFAGSQHS. P

51

35

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 48:

(A) LÄNGE: 20 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

40

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

45

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

50

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 48:

RRITYKWRRS RSPKAKLQEG

20

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 49:

- (A) LÄNGE: 36 Aminosäuren
 (B) TYP: Protein
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 49:

GESLINGAEA GARRLNCRRG ERMLCFHGPL TLMRQS

36

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 50:

- (A) LÄNGE: 26 Aminosäuren
 (B) TYP: Protein
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 50:

KHSIRSPLLQ FSLRAPASAP FISDSP

26

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 51:

- (A) LÄNGE: 25 Aminosäuren
 (B) TYP: Protein
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 51:

5

EAHESTAFAH PSCNLAFGLL LRRHL

25

Pat ntsanspruch

- 5 1. Eine Nukleinsäure-Sequenz, die ein Genprodukt oder ein Teil davon kodiert, umfassend
 - a) eine Nukleinsäure-Sequenz, ausgewählt aus der Gruppe Seq ID No 14-18, 30, 31.
 - 10 b) eine allelische Variation der unter a) genannten Nukleinsäure-Sequenzen oder
 - 15 c) eine Nukleinsäure-Sequenz, die komplementär zu den unter a) oder b) genannten Nukleinsäure-Sequenzen ist.
2. Eine Nukleinsäure-Sequenz gemäß einer der Sequenzen Seq ID Nos 14-18, 30, 31, oder eine komplementäre oder allelische Variante davon.
3. Nukleinsäure-Sequenz Seq. ID No. 1 bis Seq. ID No. 31, dadurch gekennzeichnet, daß sie in Uterusmyomgewebe erhöht exprimiert sind.
- 25 4. BAC, PAC und Cosmid-Klone, enthaltend funktionelle Gene und ihre chromosomale Lokalisation, entsprechend den Sequenzen Seq. ID. No. 1 bis Seq. ID No. 31, zur Verwendung als Vehikel zum Gentransfer.
- 30 5. Eine Nukleinsäure-Sequenz gemäß den Ansprüchen 1 bis 4, dadurch gekennzeichnet, daß sie eine 90% ige Homologie zu einer humanen Nukleinsäure-Sequenz aufweist.
- 35 6. Eine Nukleinsäure-Sequenz gemäß den Ansprüchen 1 bis 4, dadurch gekennzeichnet, daß sie eine 95% ige Homologie zu einer humanen Nukleinsäure-Sequenz aufweist.
- 40 7. Eine Nukleinsäure-Sequenz, umfassend einen Teil der in den Ansprüchen 1 bis 6 genannten Nukleinsäure-Sequenzen, in solch einer ausreichenden Größe, daß sie mit den Sequenzen gemäß den Ansprüchen 1 bis 6 hybridisieren.
- 45 8. Ein Nukleinsäure-Sequenz gemäß den Ansprüchen 1 bis 7, dadurch gekennzeichnet, daß die Größe des Fragments eine Länge von mindestens 50 bis 4500 bp aufweist.
- 50 9. Eine Nukleinsäure-Sequenz gemäß den Ansprüchen 1 bis 7, dadurch gekennzeichnet, daß die Größe des Fragments eine Länge von mindestens 50 bis 4000 bp aufweist.

- 5
10. Eine Nukleinsäure-Sequenz gemäß einem der Ansprüche 1 bis 9, die mindestens eine Teilsequenz eines biologisch aktiven Polypeptids kodiert.
- 10
11. Eine Expressionskassette, umfassend ein Nukleinsäure-Fragment oder eine Sequenz gemäß einem der Ansprüche 1 bis 9, zusammen mit mindestens einer Kontroll- oder regulatorischen Sequenz.
- 15
12. Eine Expressionskassette, umfassend ein Nukleinsäure-Fragment oder eine Sequenz gemäß Anspruch 11, worin die Kontroll- oder regulatorische Sequenz ein geeigneter Promotor ist.
13. Eine Expressionskassette gemäß einem der Ansprüche 11 und 12, dadurch gekennzeichnet, daß die auf der Kassette befindlichen DNA-Sequenzen ein Fusionsprotein kodieren, das ein bekanntes Protein und ein biologisch aktives Polypeptid-Fragment umfaßt.
- 25
14. Verwendung der Nukleinsäure-Sequenzen gemäß den Ansprüchen 1 bis 10 zur Herstellung von Vollängen-Genen.
- 30
15. Ein DNA-Fragment, umfassend ein Gen, das aus der Verwendung gemäß Anspruch 14 erhältlich ist.
- 35
16. Wirtszelle, enthaltend als heterologen Teil ihrer exprimierbaren genetischen Information ein Nukleinsäure-Fragment gemäß einem der Ansprüche 1 bis 10.
- 40
17. Wirtszelle gemäß Anspruch 16, dadurch gekennzeichnet, daß es ein prokaryontisches oder eukaryontische Zellsystem ist.
- 45
18. Wirtszelle gemäß einem der Ansprüche 16 oder 17, dadurch gekennzeichnet, daß das prokaryontische Zellsystem E. coli und das eukaryontische Zellsystem ein tierisches, humanes oder Hefe-Zellsystem ist.
- 50
19. Ein Verfahren zur Herstellung eines Polypeptids oder eines Fragments, dadurch gekennzeichnet, daß die Wirtszellen gemäß den Ansprüchen 16 bis 18 kultiviert werden.
20. Ein Antikörper, der gegen ein Polypeptid oder ein Fragment gerichtet ist, welches von den Nukleinsäuren der Sequenzen Seq. ID No. 1-31 kodiert wird, das gemäß Anspruch 19 erhältlich ist.

21. Ein Antikörper gemäß Anspruch 20, dadurch gekennzeichnet, daß er monoklonal ist.

22. Ein Antikörper gemäß Anspruch 20 dadurch gekennzeichnet, daß er ein Phage-Display-Antikörper ist.

23. Polypeptid-Teilsequenzen, gemäß den Sequenzen Seq. ID Nos. ORF 32-51.

24. Polypeptid-Teilsequenzen gemäß Anspruch 22, mit mindestens 80%iger Homologie zu diesen Sequenzen.

25. Ein aus einem Phage-Display hervorgegangenen Polypeptid, welches an die Polypeptid-Teilsequenzen gemäß Anspruch 24 binden kann.

26. Polypeptid-Teilsequenzen gemäß Anspruch 22, mit mindestens 90%iger Homologie zu diesen Sequenzen.

27. Verwendung der Polypeptid-Teilsequenzen gemäß den Sequenzen Seq. ID No. 32 bis 51, als Tools zum Auffinden von Wirkstoffen gegen das Uteruskarzinom.

28. Verwendung der Nukleinsäure-Sequenzen gemäß den Sequenzen Seq. ID No. 1-31 zur Expression von Polypeptiden, die als Tools zum Auffinden von Wirkstoffen gegen das Uteruskarzinom verwendet werden können.

29. Verwendung der Nukleinsäure-Sequenzen Seq. ID No. 1-31 in sense oder antisense Form.

30. Verwendung der Polypeptid-Teilsequenzen Seq. ID No. 32 bis Seq. ID No. 51 als Arzneimittel in der Gentherapie zur Behandlung des Uteruskarzinom.

31. Verwendung der Polypeptid-Teilsequenzen Seq. ID No. 32 bis Seq. ID No. 51, zur Herstellung eines Arzneimittels zur Behandlung gegen das Uteruskarzinom.

32. Arzneimittel, enthaltend mindestens eine Polypeptid-Teilsequenz Seq. ID No. 32 bis Seq. ID No. 51.

33. Eine Nukleinsäure-Sequenz gemäß den Ansprüchen 1 bis 10, dadurch gekennzeichnet, daß es eine genomische Sequenz ist.

34. Eine Nukleinsäure-Sequenz gemäß den Ansprüchen 1 bis 10, dadurch gekennzeichnet, daß es eine mRNA-Sequenz ist.

35. Genomische Gene, ihre Promotoren, Enhancer, Silencer, Exonstruktur, Intronstruktur und alle Spleißvarianten, erhältlich aus den cDNAs der Sequenzen Seq. ID No. 1 bis Seq. ID No. 31.

5

36. Verwendung der genomischen Gene gemäß Anspruch 33, zusammen mit geeigneten regulativen Elementen.

10

37. Verwendung gemäß Anspruch 34, dadurch gekennzeichnet, daß das regulative Element ein geeigneter Promotor und/ oder Enhancer ist.

15

38. Eine Nukleinsäure-Sequenz gemäß den Ansprüchen 1 bis 7, dadurch gekennzeichnet, daß die Größe des Fragments eine Länge von mindestens 300 bis 3500 bp aufweist.

Zusammenfassung

5 Es werden menschliche Nukleinsäuresequenzen -mRNA, cDNA, genomische Sequenzen- aus Uterusmyomgewebe, die für Genprodukte oder Teile davon kodieren, und deren Verwendung beschrieben.

Es werden weiterhin die über die Sequenzen erhältlichen Polypeptide und deren Verwendung beschrieben.

10

Systematische Gen Suche in der Incyte LifeSeq Datenbank

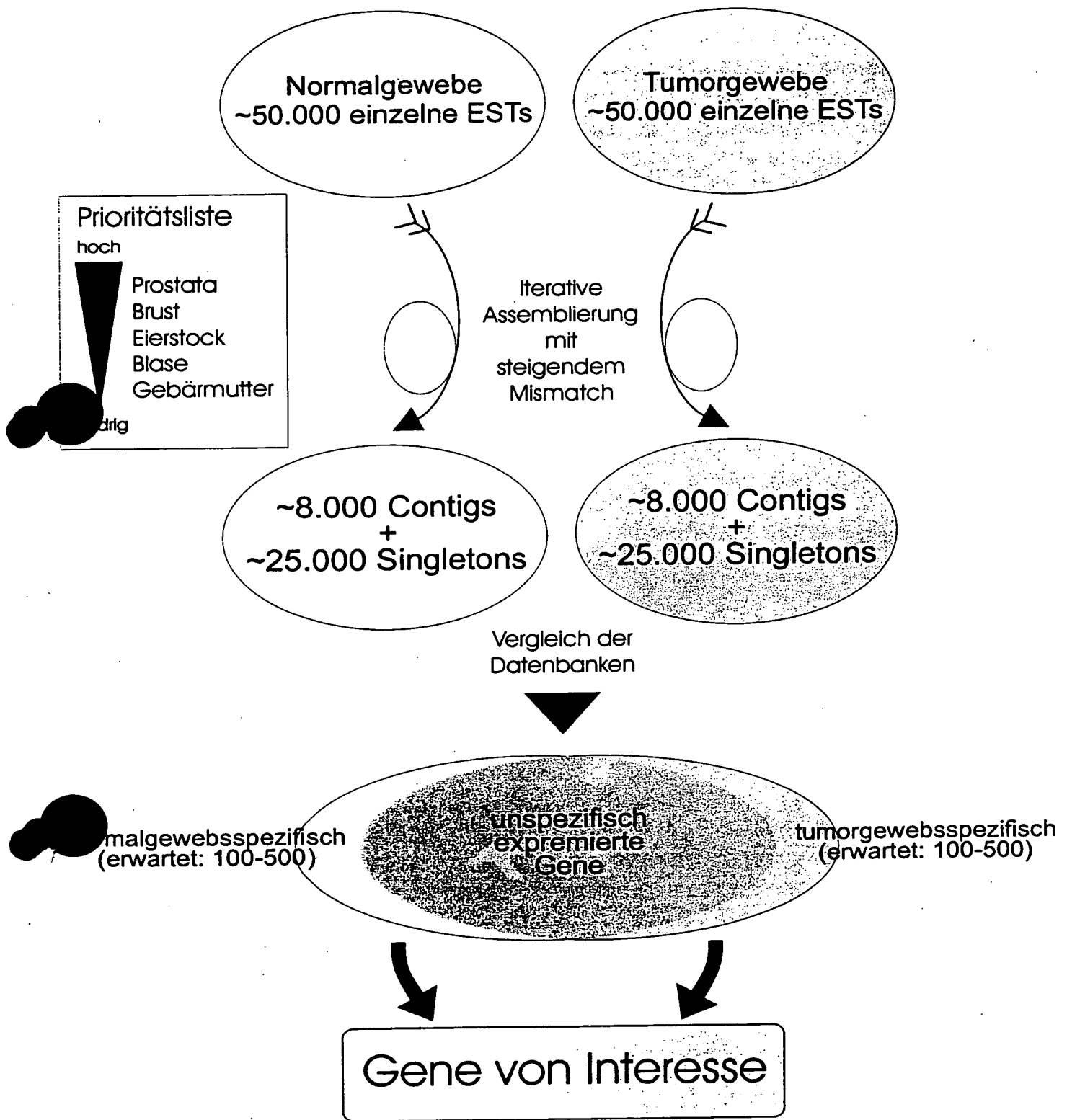


Fig. 1

Prinzip der EST-Assemblierung

~50.000 ESTs pro Gewebe

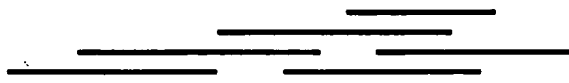


Assemblierung bei 0% Mismatch
mit GAP4 (Staden)

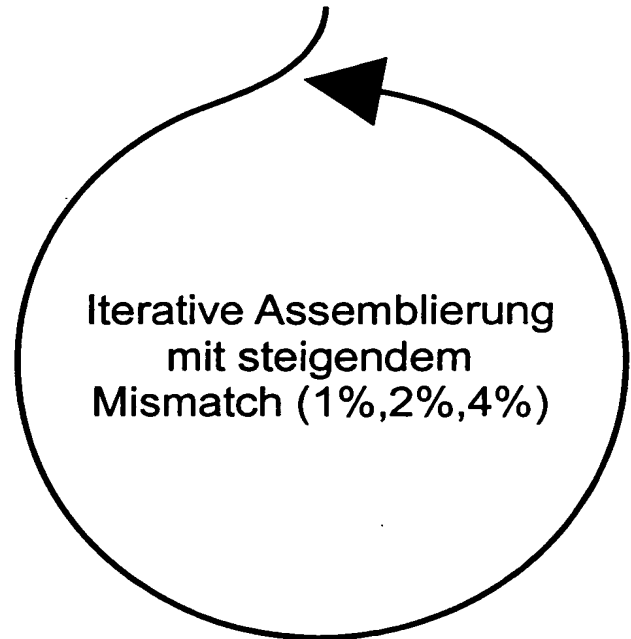


Contigs

Singletons



In Anzahl und Länge
zunehmende Contigs



Iterative Assemblierung
mit steigendem
Mismatch (1%, 2%, 4%)

5000-6000 Contigs ~25.000 übrige Singletons



**~30.000 Konsensus-
sequenzen pro Gewebe**

Fig. 2a

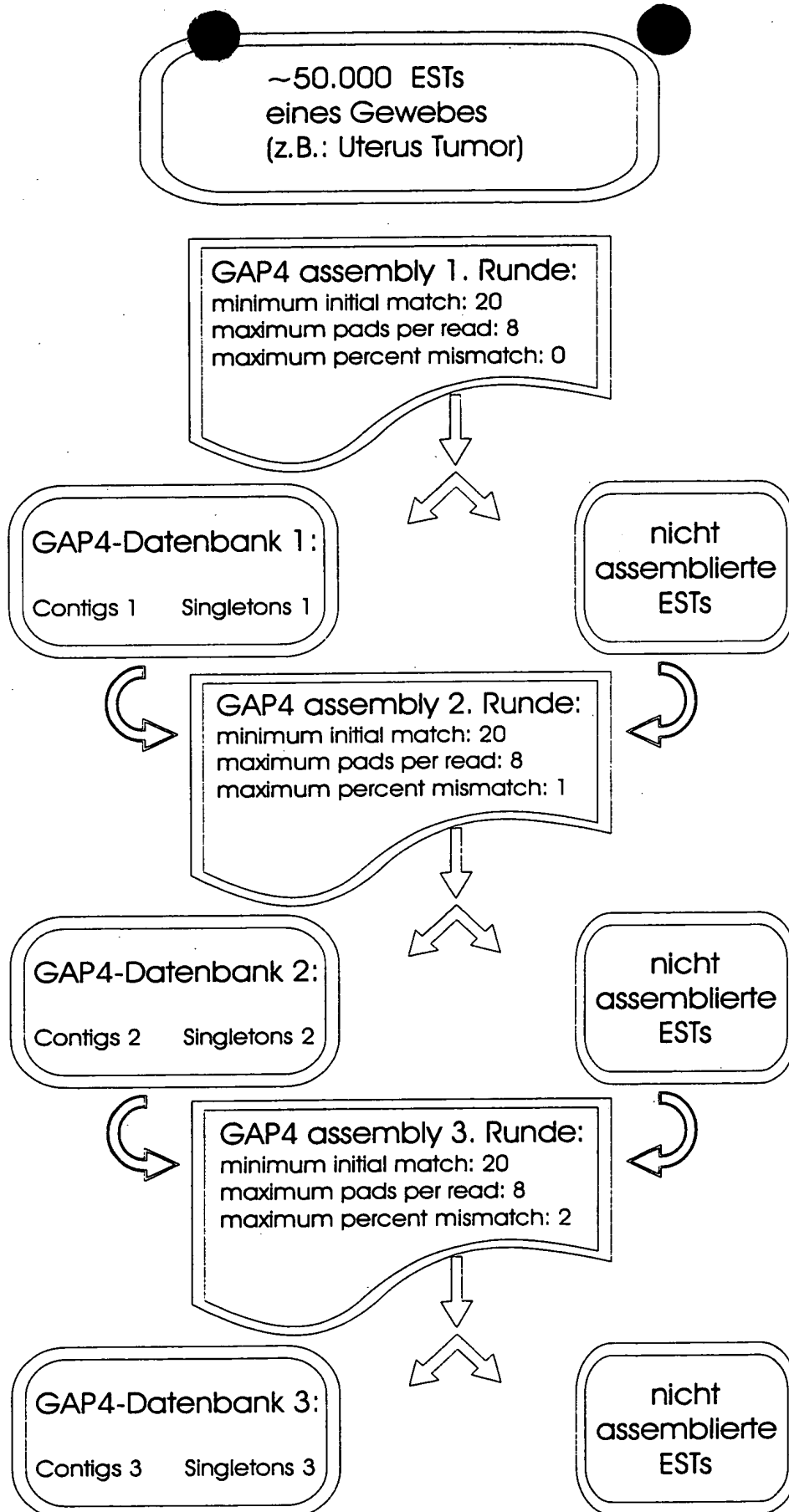


Fig. 2b1

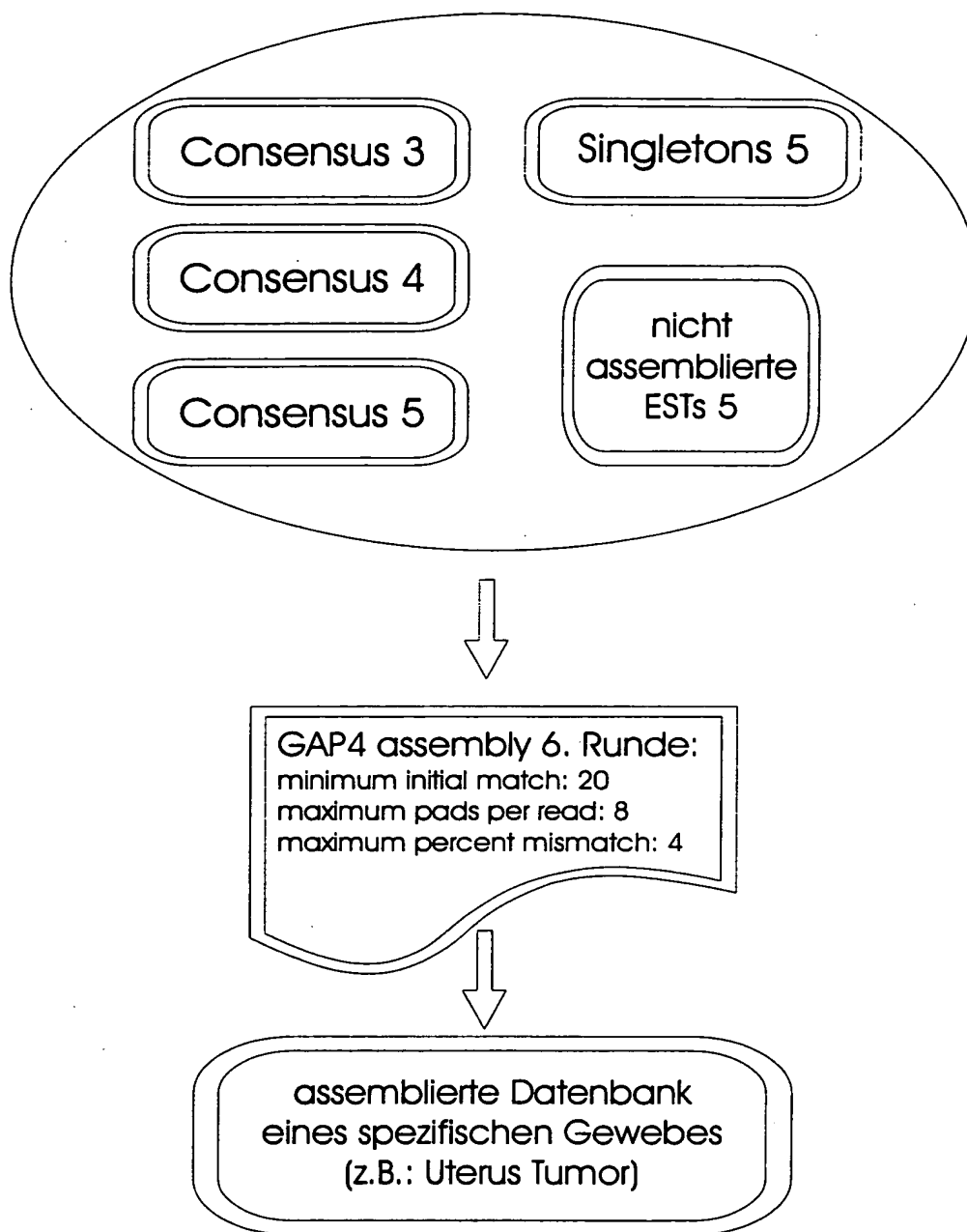


Fig. 2b3

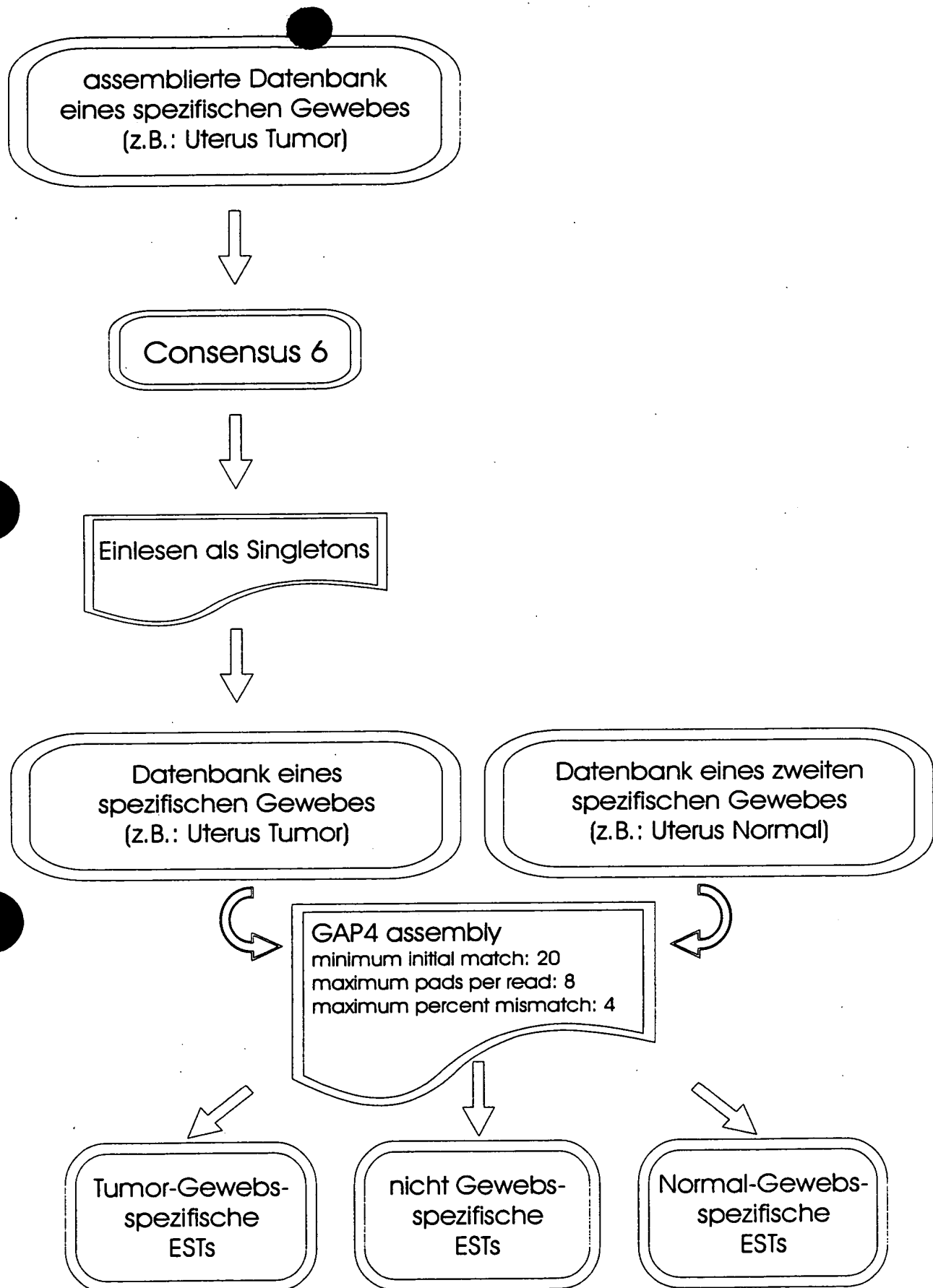


Fig. 2b4

In silico Subtraktion der Genexpression in verschiedenen Geweben

~30.000 Konsensussequenzen
Normalgewebe

~30.000 Konsensussequenzen
Krebsgewebe

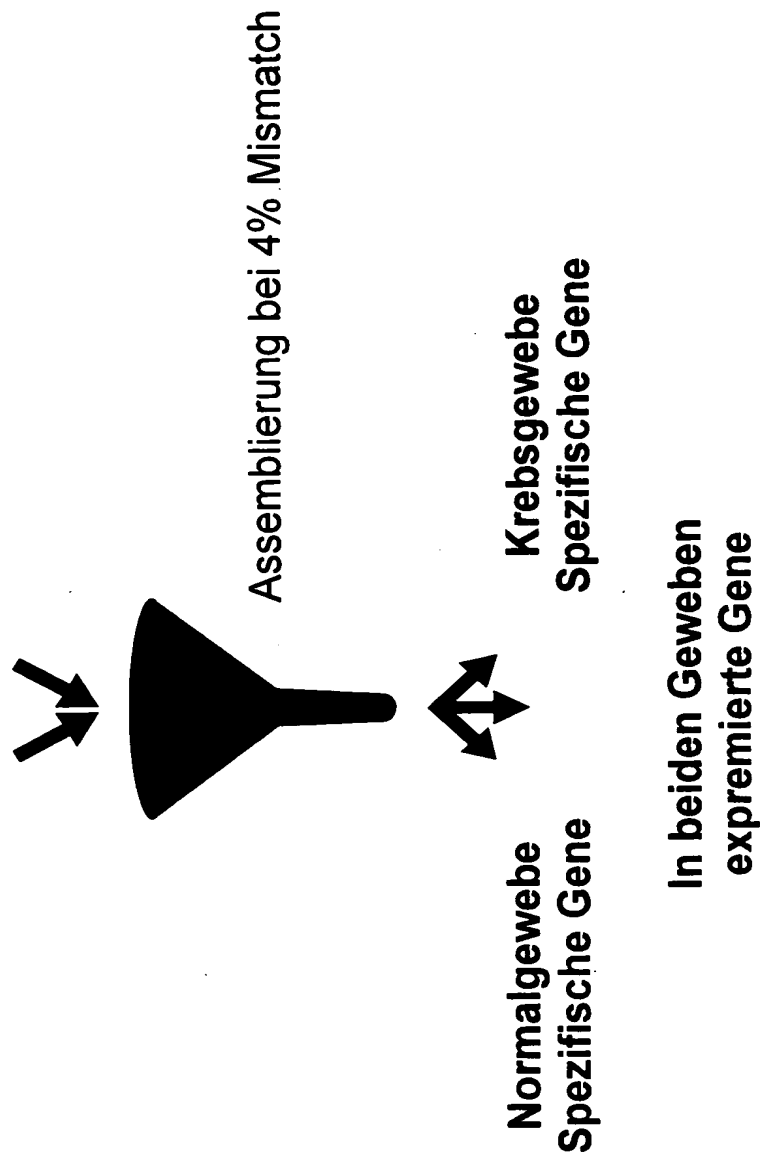


Fig. 3

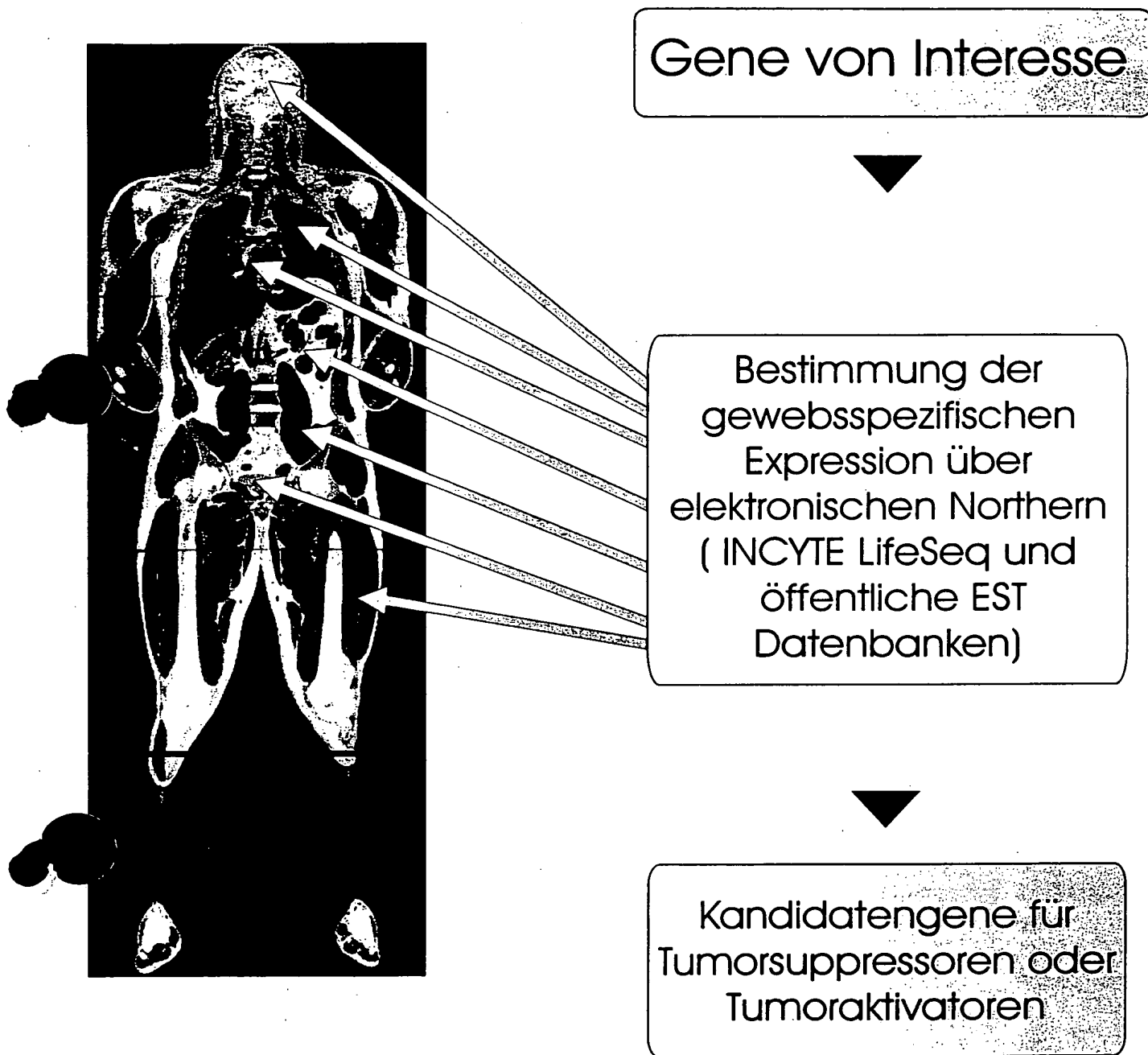


Fig. 4a

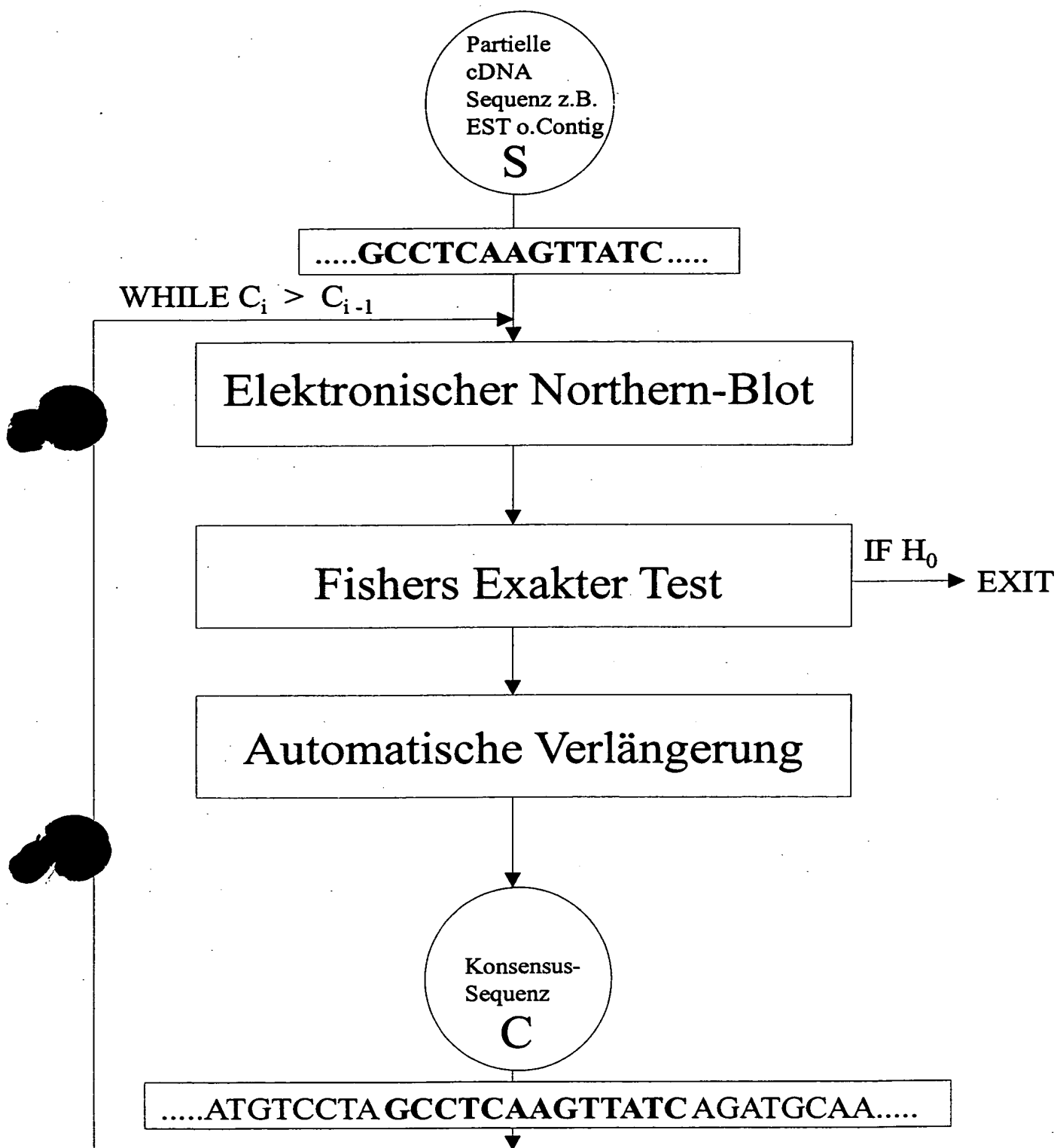


Fig. 4b

Isolieren von genomischen BAC und PAC Klonen



Chromosomale Klon-Lokalisation über FISH



Hybridisierungssignal



Sequenzierung von Klonen, die in Regionen lokalisiert sind, die chromosomale Deletionen in Prostata- und Brustkrebs aufweisen, führt zur Identifizierung von Kandidatengenen



Bestätigung der Kandidatengene durch Screening von Mutationen und/oder Deletionen in Krebsgeweben

Fig. 5

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 5

```

5      gcgcaggcgc gaagaagctg gcaggggcac gagccggggg cgggtttgaa gacgcgtcgt 60
      tgggttttgg aggccgtgaa acagccgttt gagtttggct gcgggtggag aacgtttgtc 120
      aggggcccgg ccaagaagga ggcccgctg ttacgatggt gtccatgagt ttcaagcgga 180
      accgcagtga cgggttctac agcaccgggt gctgcggctg ttgccatgtc cgcaccggga 240
10     cgatcatcct ggggacctg tacatggtag taaacctatt gatggcaatt ttgctgactg 300
      tggaagtgac tcatccaaac tccatgccag ctgtcaacat tcagtatgaa gtcacggta 360
      attactattc gtctgagaga atggctgata atgcctgtgt tctttttgcc gtctctgttc 420
      ttatgtttat aatcagttca atgctggtt atggagcaat ttcttatcaa gtgggttggc 480
      tgattccatt cttctgttac cgactttttg acttgcctc cagttgcctg gttgctatta 540
15     gttctctcac ctatttgcca agaatcaaag aatatctgga tcaactacct gattttccct 600
      acaaagatga cctcctggcc ttggactcca gctgcctcct gttcattgtt cttgtgttct 660
      ttgccttatt catcattttt aaggcttatc taattaactg tgtttggaac tgctataaat 720
      acatcaacaa ccgaaacgtg ccggagattg ctgtgtaccc tgcctttgaa gcacctctc 780
      agtacgtttt gccaacctat gaaatggccg tgaaaatgcc tgaaaaagaa ccaccacctc 840
20     cttacttacc tgcctgaaga aattctgcct ttgacaataa atcctatacc agctttttgt 900
      ttgtttatgt tacagaatgc tgcaattcag ggctcttcaa acttgtttag atataaaata 960
      tggtgccct ttggttttaa agcaatttat tttccaaaac actaaggag cttttttgga 1020
      catctggtta aacggccttt ttgggtttt t 1051

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 6:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1516 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 6

```

50     gttgtcctca tccctctcat acaggtgac caggacgttc ttgagccagt cccgcattgcg 60
      cagggggaag aagatccatg agaaggagaa gcgcctggag gcaggagacc accccgtgga 120
      gctgctggcc cgggacttcg agaagaacta taacatgtac atcttccctg tacactggca 180
      gttcggccag ctggaccagc acccattga cgggtacctc tcccacaccg agctggctcc 240
      actgcgtgct cccctcatcc ccatggagca ttgcaccacc cgctttttcg agacctgtga 300
55     cctggacaat gacaagtaca tcgccttggg tgagtgggccc ggctgcttcg gcatcaagca 360
      gaaggatata gacaaggatc ttgtgatcta aatccactcc ttccacagta ccggattctc 420
      tctttaaccc tccccttcgt gtttccccc atgtttaaaa tgtttgatg gtttgttgtt 480

```

ctgcctggag acaaggt aacatagatt taagtgaata cattaac gctaaaaatg 540
 aaaattctaa cccaaga tgacattctt agctgtaact taactat ggccttttcc 600
 acacgcatta atagtcccat ttttctcttg ccatttgtag ctttgcccat tgtcttattg 660
 5 ggcacatggg gtggacacgg atctgctggg ctctgcctta aacacacatt gcagcttcaa 720
 cttttctctt tagtggtctg tttgaaacta atacttacgg agtcagactt tgtgttcatt 780
 tcatttcagg gtcttggtg cctgtgggct tccccagggt gcctggagggt gggcaaaggg 840
 aagtaacaga cacacgatgt tgtcaaggat ggttttggga cttagaggctc agtgggtggga 900
 gagatccctg cagaaccac caaccagaac gtggtttgcc tgaggctgta actgagagaa 960
 10 agattctggg gctgtgttat gaaaatatag acattctcac ataagcccag ttcacacca 1020
 tttctcctt tacctttcag tgcagtttct tttcacatta ggctgttggg tcaaactttt 1080
 gggagcacgg actgtcagtt ctctgggaag tggtcagcgc atcctgcagg gcttctcctc 1140
 ctctgtcttt tggagaacca gggctcttct caggggctct agggactgcc aggctgtttc 1200
 agccaggaag gccaaaatca agagtggat gtagaaagt gtaaaataga aaaagtggag 1260
 15 ttggtgaatc ggttgttctt tcctcacatt tggatgattg tcataagggt tttagcatgt 1320
 tcctcctttt ctccaccctc cccttttttc cccaagaat acagagaaaa ctcaaagtta 1380
 atggggaggg tcggatccta caggcctgag aatcgggtcaa ctccaagcat ttcattgaaa 1440
 aggcggcttc ctaattaatc ctacaaacc ccaccagga tggtagaggg tttcaccaat 1500
 tcctccaaaa ataaaa 1516

20 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 7:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 2367 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 7

cgccgggact cttggcgggt gaaggtgtgt gtcagctttt gcgtcaactg agccctgggc 60
 45 gctgcttgct aaagagccga gcacgcgggt ctgtcatcat gtcgcgttac gggcgggtacg 120
 gaggagaaac caaggtgtat gttggttaacc tgggaactgg cgctggcaaa ggagagttag 180
 aaagggtttt cagttattat ggtcctttta gaactgtatg gattgcgaga aatcctccag 240
 gatttgcctt tgtggaattc gaagatccta gagatgcaga agatgcagta cgaggactgg 300
 atggaaagggt gatttgtggc tcccgagtga gggttgaact atcgacaggc atgcctcgga 360
 50 gatcacgttt tgatagacca cctgcccagc gtccctttga tccaaatgat agatgctatg 420
 agtgtggcga aaaggacat tatgcttatg attgtcatcg ttacagccgg cgaagaagaa 480
 gcaggtcacg gtctagatca cattctcgat ccagaggaag gcgatactct cgctcacgca 540
 gcaggagcag gggacgaagg tcaaggtcag catctcctcg acgatcaaga tctatctctc 600
 ttcgtagatc aagatcagct tcaactcagaa gatctaggctc tggttctata aaaggatcga 660
 55 ggtattttcca atccccgtcg aggtcaagat caagatccag gtctatttca cgaccaagaa 720
 gcagccgatc aaagtccaga tctccatctc caaaaagaag tcgttccccca tcaggaagtc 780
 ctgcgagaag tgcaagtctt gaaagaatgg actgaagctc tcaagttcac ccttttagga 840
 aaagttattt tgtttacatt attataaggg atttgtgatg tctgtaaagt gtaacctagg 900

```

aaagataatt caac[REDACTED]ta atcaaaatgg atctggatta ctat[REDACTED]aat tcacagcagt 960
aagataatat aaatt[REDACTED]gtt gaatgtatta acatcatatg gtct[REDACTED]aat gtgggttttt1020
at ttggcaca tttaaataaa atgtttctaa ctagatttttt gatttgtgtt caatattaac1080
acttcttaat ttgatataat tgagagtcag acattataat tgttaacctt attcatacat1140
5 acctacattc agaattgaaa ggtgttggtt aagtcttgaa catcactatt ctatgcataa1200
aacttggcca ggatcttaag ggactttgaa aattccatct tacccttgta gctctgggtal260
agatgacctg agtcccttat gatacagcct gaatgcatca tgacagatcc ttaagtttagc1320
taatccgttt gaagttggtg ttagtaggta ttgtatgatc agtggggaag caagtaggac1380
cactgatgtg tctaaatgag catgacagga actaaacgaa actgattaaa tgtatgagaa1440
10 atagaaactg atttctggat gatctttata ctaattgcag ctttcaggct actaggtggc1500
atagtgttaa ttaggactcc ccaagatatg gggagttcta ctctcaatgg tcttgtttct1560
ttgctttcta cattagttaa ccagttttat accaaaaaat gcatgtttga ggaattgtct1620
gaaattggga caaaacacct tcatgtaaac cagctttgca aaattttcca gccagatac1680
tcttcactta tcaaatgga ttgtcttatt ctgagcaaag acctgttggt aatcttcaag1740
15 ctaggttttg cagttcccaa ccacaacatt cttctatttt gccaggctgg tgcaaagtaa1800
ttaaagatgt caatcagaaa tgtcaatgag actaaagtgg ttttgtaa atctcagctata1860
tttagcaaca ctccatgtag ctaatatatt ttggtagcat ctggtagacc ttagaatgtt1920
acatagccag taggttcttt attcaaattt taagtatctt aagaatagta gggcagtaac1980
agttactttt gagagttttt tggcgaagct tttaccaggc attctctagc cttgggtacaa2040
20 aaaaaaaaaa aacctgctgg ttgcgcat acctaggctt gtccatttta tgcatttcag2100
caaagtcatt ggatactatt gcaacttggg aatactgggc tgcacaaagt ttattcggt2160
gtttgaccgc tagtatgttg gaagttattt ggattgtttt tgggaattttg actggctgaa2220
ttatggttgg tataaagtta tgtgtataac tggcaggctt atttatctgt tgcacttgg2280
tagctttaat tgttctgtat tatttaaga taagtttact caacaataaa tctgcagaga2340
ttgaacaaat aaaaaaaaaa aaaaaaa 2367

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 8:

30 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 568 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

35

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

40

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

45

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

50

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 8

55

```

ctcgagccgt gggcagtggc cgcgaatgcg cggagacact gaccttcagc gcctcggctc 60
cagcgccatg gcgccctcca ggaagttctt cgttggggga aactggaaga tgaacgggcg120
gaagcagagt ctgggggagc tcatcggcac tctgaacgag gccaaagtgc cgcccgacac180
cgaggtgggt tgtgtcccc ctactgccta tatcgacttc gcccggcaga agctagatcc240
caagattgct gtggctgcgc agaactgcta caaagtgact aatggggctt ttactgggga300
gatcagccct ggcatgatca aagactgcgg agccacgtgg gtggctctgg ggcactcaga360
gagaaggcat gtctttgggg agtcagatga gctgattggg cagaaagtgg cccatgctct420

```


ggcagagggga ctccgag tgcctgcat tggggagaag ctagat gggaagctgg480
 catcactgag aatgttg tcgagcagac aaaggtcatc ggggatg tgaaggactg540
 gatcaagttc gtccctggcct gttggcct 568

5 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 9:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1775 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

10 (C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
 hergestellte partielle cDNA

15

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

25

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 9

30 ctcggggggcc attttgtgaa gagacgaaga ctgagcgggt gtggccgcgt tgccgacctc 60
 cagcagcagt cggcttctct acgcagaacc cgggagtagg agactcagaa tcgaatctct 120
 tctccctccc cttcttgtga gatttttttg atcttcagct acatttttcgg ctttgtgaga 180
 aaccttacca tcaaacacga tggccagcaa cgttaccaac aagacagatc ctgcctccat 240
 gaactcccgt gtattcattg ggaatctcaa cactcttggt gtcaagaaat ctgatgtgga 300
 ggcaatcttt tcgaagtatg gcaaaattgt gggctgctct gttcataaagg gctttgcctt 360
 35 cgttcagtat gttaatgaga gaaatgcccg ggctgctgta gcaggagagg atggcagaat 420
 gattgctggc cagggttttag atattaacct ggctgcagag ccaaaagtga accgaggaaa 480
 agcaggtgtg aaacgatctg cagcggagat gtacgggtcc tcttttgact tggactatga 540
 ctttcaacgg gactattatg ataggatgta cagttacceca gcacgtgtac ctcctcctcc 600
 tcctattgct cgggctgtag tgccctcgaa acgtcagcgt gtatcaggaa acacttcacg 660
 aaggggcaaa agtggttca attctaagag tggacagcgg ggatcttcca agtctggaaa 720
 gttgaaagga gatgaccttc aggccattaa gaaggagctg acccagataa aacaaaaagt 780
 ggattctctc ctggaaaacc tggaaaaaat tgaaaaggaa cagagcaaac aagcagtaga 840
 gatgaagaat gataagtcag aagaggagca gagcagcagc tccgtgaaga aagatgagac 900
 taatgtgaag atggagtctg aggggggtgc agatgactct gctgaggagg gggacctact 960
 45 ggatgatgat gataatgaag atcgggggga tgaccagctg gagttgatca aggatgatga1020
 aaaagaggct gaggaaggag aggatgacag agacagcgcc aatggcgagg atgactctta1080
 agcacatagt ggggttttaga aatcttatcc cattatttct ttacctaggc gcttgtctaa1140
 gatcaaattt ttcaccagat cctctcccct agtatcttca gcacatgctc actgttctcc1200
 ccatccttgt ccttcccatg ttcattaatt catattgccc cgcgcctagt cccattttca1260
 50 cttcctttga cgctcctagt agttttgtta agtcttacct tghtaatttt gcttttaatt1320
 ttgataacct tttatgactt aacaataaaa aggatgtatg gtttttatca actgtctcca1380
 aaataatctc ttgttatgca gggagtacag ttcttttcat tcatacataa gttcagtagt1440
 tgcttcccta actgcaaagg caatctcatt tagttgagta gctcttgaaa gcagctttga1500
 gttagaagta tgtgtgttac accctcacat tagtgtgctg tgtggggcag ttcaacacaa1560
 55 atgtaacaat gtatttttgt gaatgagagt tggcatgtca aatgcatact ctagaaaaat1620
 aattagtgtt atagtcttaa gattttgttt ctaaaattga tactgtgggt tatttttgtg1680
 aacagcctga tgtttgggac cttttttcct caaaaataac aagtccttat taaaccagga1740
 atttggagaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaa 1775

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 10:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 509 Basenpaare
 (B) TYP: Nukleinsäure
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
 (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:10

```

caggctcgagt ggccactgcg cagaccagac ttcgctcgta ctgctgcgcc tcgcttcgct 60
tttctctcgc aaccatgtct gacaaacccg atatggctga gatcgagaaa ttcgataagt120
cgaaactgaa gaagacagag acgcaagaga aaaatccact gccttccaaa gaaacgattg180
aacaggagaa gcaagcaggc gaatcgtaat gaggcgtgcg ccgccaatat gcactgtaca240
30 ttcacaagc attgccttct tattttactt ctttttagctg tttaactttg taagatgcaa300
agaggttgga tcaagtttaa atgactgtgc tgcccccttc acatcaaagg gactacttga360
acaacggaag ggccgcggcc tacctttccc atctgtctat ctatctggct ggcagggaag420
ggaagagttg caggttggtg aggaagaagt ggggtggaag aagttggatg ggccgccagt480
aaaacttggg taaaccgaac ttggccaag 509
  
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 11:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 2191Basenpaare
 (B) TYP: Nukleinsäure
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
 (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 11

5

10

15

20

25

30

35

40

45

```

actgagcgag ggccagccgt gcggcaccta caccgagcgc tgtgggctccg gccttcgctg 60
ccagccgtcg cccgacgagg cgcgaccgct gcaggcgctg ctggacggcc gcgggctctg 120
cgtcaacgct agtgccgtca gccgcctgog cgcctacctg ctgccagcgc cgccagctcc 180
aggaaatgct agtgagtcgg aggaagaccg cagcgccggc agtgtggaga gcccgtccgt 240
ctccagcacg caccgggtgt ctgatcccaa gttccacccc ctccattcaa agataatcat 300
catcaagaaa gggcatgcta aagacagcca gcgctacaaa gttgactacg agtctcagag 360
cacagatacc cagaacttct cctccgagtc caagcgggag acagaatatg gtccctgccg 420
tagagaaatg gaagacacac tgaatcacct gaagttcctc aatgtgctga gtcccagggg 480
tgtacacatt cccaactgtg acaagaaggg attttataag aaaaagcagt gtcgcccttc 540
caaaggcagg aagcggggct tctgctgggt tgtggataag tatgggcagc ctctcccagg 600
ctacaccacc aagggaagg aggacgtgca ctgctacagc atgcagagca agtagacgcc 660
tgccgcaagg ttaatgtgga gctcaaatat gccttatttt gcacaaaaga ctgccaagga 720
catgaccagc agctggctac agcctcgatt tatattttctg tttgtgggtg actgattttt 780
tttaaaccaa agtttagaaa gaggtttttg aaatgcctat gggtttcttg aatggtaaac 840
ttgagcatct tttcactttc cagtatgcag caaagagcag tttgaatttt ctgtgcgtt 900
cctatcaaaa tattcagaga ctcgagcaca gcacccagac ttcattgcgc cgtggaatgc 960
tcaccacatg ttggtcgaag cggccgacca ctgactttgt gacttaggcg gctgtgttgc 1020
ctatgtagag aacacgcttc acccccactc cccgtacagt gcgcacaggc tttatcgaga 1080
ataggaatac ctttaaacc cggtcacccg gacatcccaa cgcattgctc tggagctcac 1140
agccttctgt ggtgtcattt ctgaaacaag ggcgtggatc cctcaaccaa gaagaatgtt 1200
tatgtcttca agtgacctgt actgcttggg gactattgga gaaaataagg tggagtccta 1260
cttgtttaaa aaatatgtat ctaagaatgt tctagggcac tctgggaacc tataaaggca 1320
ggtatttcgg gccctcctct tcaggaatct tctgaagac atggcccgat cgaaggccca 1380
ggatggcttt tgctgcggcc ccgtggggta ggaggacag agagacaggg agagtcagcc 1440
tccacattca gaggcatcac aagtaattgc acaattcttc ggatgactgc agaaaatagt 1500
gtttttagt tcaacaactc aagacgaagc ttatttctga ggataagctc tttaaaggca 1560
aagctttatt ttcattcttc atcttttgtc ctcttagca caatgtaaaa aagaatagta 1620
atatcagaac aggaaggagg aatggcttgc tggggagccc atccaggaca ctgggagcac 1680
atagagattc acccatgttt gttgaactta gagtcattct catgcttttc tttataattc 1740
acacatatat gcagagaaga tatgttcttg ttaacattgt atacaacata gccccaaata 1800
tagtaagatc tatactagat aatcctagat gaaatgttag agatgctata tgatacaact 1860
gtggccatga ctgaggaaag gagctcacgc ccagagactg ggctgctctc ccggaggcca 1920
aaccacaaga ggtctggcaa agtcaggctc agggagactc tgccctgctg cagacctcgg 1980
tgtggacaca cgctgcatag agctctcctt gaaaacagag gggctctcaag acattctgcc 2040
tacctattag cttttcttta tttttttaac tttttggggg gaaaagtatt tttgagaagt 2100
ttgtcttgca atgtatttat aaatagtaaa taaagttttt accattaaaa aaaaaggagg 2160
taaaaagaaa aaaaagggcg gccgccgact a
2191

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 12:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 1769 Basenpaare
(B) TYP: Nukleinsäure
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:
 (A) ORGANISMUS: MENSCH
 (C) ORGAN:

5 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:
 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 12

```

10 attattttaca tttcaaaaata attccccetta atcgtttttac tcctaagttc attaccattg 60
   ttggcccacc ttaggttcca ccacttggtt gttacccag ccctgggttc aaacagggac 120
   atggcaaggg gacacaggac agaggggtcc ccagctgcca cctcaccac cgcaattcat 180
   ttagtagcag gcacaggggc agctccggca cggctttctc aggcctatgc cggagcctcg 240
   agggctggag agcgggaaga caggcagtgc tcggggagtt gcagcaggac gtcaccagga 300
15 gggcgaacgg ccacgggagg ggggccccgg gacattgcgc agcaaggagg ctgcaggggc 360
   tcggcctgcg ggcgcgggtc ccacgaggca ctgcggccca gggctctggtg cggagagggc 420
   ccacagtgga cttggtgacg ctgtatgccc tcaccgctca gcccctgggg ctggcttggc 480
   agacagtaca gcatccaggg gagtcaaggg catggggcga gaccagacta ggcgaggcgg 540
   gcggggcgga gtgaatgagc tctcaggagg gaggatggtg caggcagggg tgaggagcgc 600
20 agggggcggc gagcgggagg cactggcctc cagagcccgt ggccaaggcg ggcctcgcg 660
   gcggcgacgg agccgggatc ggtgcctcag cgttcgggct ggagacgagg ccaggtctcc 720
   agctgggggtg gacgtgcccc ccagctgccc aaggcaagac gccaggtccg gtggacgtga 780
   caagcaggag atgacatggt ccggtgtgac ggcgaggaca gaggaggcgc gtccggcctt 840
   cctgaacacc ttaggctggt ggggtgctgc caagaagcgg gtctgtttct ttacttcctc 900
25 cacggagtgc gcacactatg gctgccctct gggctcccag aaccacaaac atgaaagaaa 960
   tgggtgctacc cagctcaagc ctgggccttt gaatccggac aaaaaaccct ctagcttggaa1020
   aatgaatatg ctgcacttta caaccactgc actacctgac tcaggaatcg gctctggaag1080
   gtgaagctag aggaaccaga cctcatcagc ccaacatcaa agacaccatc ggaacagcag1140
   cgcccgcagc acccaccacc caccggcgac tccatcttca tggccacccc ctgcggcgga1200
30 cggttgacca ccagccacca catcatccca gagctgagct cctccagcgg gatgacgccg1260
   tccccaccac ctccctcttc ttctttttca tccttctgtc tctttgttcc tgagctttcc1320
   tgtctttcct tttttctgag agattcaaa cctccacgac tctgtttccc ccgtcccttc1380
   tgaatttaat ttgcactaag tcatttgcac tggttggagt tgtggagacg gccttgagtc1440
   tcagtacgag tgtgctgtag tgtgagccac cttggcaagt gcctgtgcag gggccggccg1500
35 ccctccatct gggccgggtg actgggcgcc ggctgtgtgc ccgaggcctc accctgccct1560
   cgctagtctt ggaagctccg accgacatca cggagcagcc ttcaagcatt ccattacgcc1620
   ccatctcgct ctgtgcccct ccccaccagg gcttcagcag gagccctgga ctcatcatca1680
   ataaacactg ttacagcaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa1740
   aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa 1769
40

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 13:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1026 Basenpaare
 (B) TYP: Nukleinsäure
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
 hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

5

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 13

10
 15
 20
 25

```

aaaagctgtc cgcgcgggga gccagggcc agctttggg ttgtccctgg acttgtcttg 60
gttccagaac ctgacgaccc ggcgacggcg acgtctcttt tgactaaaag acagtgtcca 120
gtgctccagc ctaggagtct acggggaccg cctcccgcgc cgccaccatg cccaacttct 180
ctggcaactg gaaaatcatc cgatcggaag acttcgagga attgctcaaa gtgctggggg 240
tgaatgtgat gctgaggaag attgctgtgg ctgcagcgtc caagccagca gtggagatca 300
aacaggaggg agacactttc tacatcaaaa cctccaccac cgtgcgcacc acagagatta 360
acttcaagggt tggggaggag tttgaggagc agactgtgga tgggaggccc tgtaagagcc 420
tggtgaaatg ggagagttag aataaaatgg tctgtgagca gaagctcctg aaggagagag 480
gccccaaagc ctctgtggacc agagaactga ccaacgatgg ggaactgatc ctgaccatga 540
cggcggatga cgttgtgtgc accaggggtc acgtccgaga gtgagtggcc acaggtagaa 600
ccgcggccga agcccaccac tggccatgct caccgccctg cttcactgcc ccctccgtcc 660
caccctctcc ttctaggata gcgtccctc taccctcagtc acttctgggg gtcactggga 720
tgctcttgc aggtcttgc tttctttgac ctctctctc ctcccctaca ccaacaaaga 780
ggaatggctg caagagccca gatcacccat tcegggttca ctcccgcct cccaagtca 840
gcagtcctag ccccaaacca gccagagca ggtctctct aaaggggact tgagggcctg 900
agcaggaaag actggccctc tagcttctac ctttgtccc tgtagcctat acagtttaga 960
atatttattt gtttaatttta ttaaatgct ttaaaaaat aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa 1020
aaaaaa
  
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 14:

30

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 676 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

35

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

45

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

50

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 14

55

```

ggccattttg tgaagagacg aagactgagc ggttgtggcc gcgttgccga cctccagcag 60
cagtcggctt ctctacgcag aaccgggag taggagactc agaatcgaat ctcttctccc 120
tccccttctt gggcagcaag gcgaaccca tccctactca ctggagctca gctttgattt 180
ttaacctccc ttccccaccc ttccagaaca cacacattcc attccaaaac tgattttata 240
aagacatttt aacataatg atgcaacttg gtgtgcacta cagcaaagt acaggtgttt 300
  
```

tttttttaat tgtt aa accgggacct ggatttaaga tgt ttt aaaattttcta360
 tttctatttt ttcg gca gttgggtag aggaggagga gcct agc ctcccagaaa420
 ctgacctctc tacttctctg tgtattttta agattgattg atgatgtgga aagggtttg480
 cttgtctgct actgaaaact ttatccttgc ggtttttgtg gaactgcgtt tggaaagaga540
 5 aaagaaatga actttactga cttgacattt tgcacctccc ggttttcgaa tctgggcaat600
 tttatttttg gttttacagt gagagttttt gatctcagca cagaagtaat ccaatttttt660
 ttagcatttt ccgact 676

10. (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 15:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1254 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

15 (C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

20 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

25 (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

30 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 15

35 cggctcgagc agctcgagcg gctcaaacac ctcatttgac cttgccagct gaccttcaaa 60
 ccctgcattt gaaccgacca acattaagtc cagagagtaa acttgaatgg aataacgaca 120
 ttccagaagt taatcatttg aattctgaac actggagaaa aaccgaaaaa tggacggggc 180
 atgaagagac taatcatctg gaaaccgatt tcagtggcga tggcatgaca gagctagagc 240
 tcggggccag ccccgagctg cagcccattc gcaggcaccc gaaagaactt ccccagtatg 300
 gtggctcctg aaaggacatt tttgaagatc aactatatct tcctgtgcat tccgatggaa 360
 tttcagttca tcagatgttc accatggcca ccgcagaaca ccgaagtaat tccagcatag 420
 cggggaagat gttgaccaag gtggagaaga atcacgaaaa ggagaagtca cagcacctag 480
 aaggcagcgc ctctcttca ctctctctg attagatgaa actgttacct taccctaaac 540
 acagtatttc tttttaactt ttttatttgt aaactaataa aggtaatcac agccaccaac 600
 attccaagct accctgggta cctttgtgca gtagaagcta gtgagcatgt gagcaagcgg 660
 45 tgtgcacacg gagactcatc gttataattt actatctgcc aagagtagaa agaaaggctg 720
 gggatatttg ggttgcttg gttttgattt tttgcttggt tgtttgtttt gtactaaaac 780
 agtattatct tttgaatgc gtagggacat aagtatatac atgttatcca atcaagatgg 840
 ctagaatggt gcctttctga gtgtctaaaa cttgacaccc ctggtaaatac tttcaacaca 900
 cttccactgc ctgcgtaatg aagttttgat tcatttttta ccactggaat ttttcaatgc 960
 50 cgtcattttc agttagatga ttttgcaact tgagattaaa atgccatgtc tatttgatta1020
 gtcttatttt tttattttta caggcttata agtctcactg ttggctgtca ttgtgacaaa1080
 gtcaaataaa cccccaagga cgacacacag tatggatcac atattgtttg acattaagct1140
 tttgccagaa aatgttgcat gtgttttacc tcgacttgct aaaatcgatt agcagaaagg1200
 catggctaata aatgttggtg gtgaaaataa ataaataagt aaacaaaaag aaaa 1254
 55

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 16:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 537 Basenpaare
 (B) TYP: Nukleinsäure
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
 hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
 (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 16

```

ggccccgggcc cccaccctcg acatgcgctt ccggcgacgc cttagcgctg acccccacgc 60
aaccacagcga aactccgcgg aggcgcgcgg cacgatggac ggtcgggtgc agctgatgaa120
ggccctcctg gccgggcccc tccggccccg gccgcgtcgc tggaggaacc cgattccctt180
tcccagagacg tttagacggag ataccgaccg actcccggag ttcacgtgc agacgtgctc240
ctacatgttc gtggacgaga acacgttctc caacgacgcc ctgaaggtga cgttcctcat300
caccgcctc acggggccag cctgcagtg ggtgatcccc tacatcagga aggagagccc360
cctgctcaat gattaccggg gctttctggc cgagatgaag cgagtctttg gatgggagga420
ggacgaggac ttctaggccg ggagaccctc gggcctgggg gcgggtgctc tgggaagagt480
tcgctgtgcc agtggccacc gctaggggtc ccacaggcgc cctccccagg gaatgct 537
  
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 17:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 823 Basenpaare
 (B) TYP: Nukleinsäure
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
 hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
 (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ- CHREIBUNG: SEQ ID NO: 17

5 tagactgaac. aggaggggga gtccctgggta ggcgcgccgt ctaaatacggt acttggcgga 60
 aagttcccat gagtctttgc cagcgtcccc ctccctttgt gaggattggg atattccgac120
 tccttaaggc cctggcgcac ataagggtgt accttttcat tcccgttggt atggagggcc180
 acatctgcca gagcctggag tctgcgaagg ccgggacccg gttccccggc ccacagtggg240
 ggtgtgcaaa cccgagagaa ctggggttgca aattcgtgaa gaatcagcat catgtttggc300
 10. agctgagtat tggagccagg agcctgccat gaggttttga gaacagagt ctgtttttaga360
 gctggcagca gcatctcagc ccaagagaag gttatatcc cagaggatgt cagtcccaag420
 gaccagtagc tgccatcagt ttggattctg aaaactaact ggcatacaaca ctgggtgtag480
 aaacatgctt gccttatgta tcagaggaca tgctcagcag atccaagaga tatatttggc540
 aactttttct agaaaaggca cattgggtat cattcattac attcttgagg tttttttggg600
 tttttttttt ttttttttga gacagtcttg ctgtattgcc caggctggga gtgtgggtggc660
 15 acaatcacag ctcatctgcat cctcaatcac ccagggccta agcaatcctc ccaccttgta720
 gctgggacta cagctcacag cacaccgggc taaaattttt ttttgttgag acggtttttc780
 tatgttgccc ggtgtgtttt cagggtccgg ggttcagatg gtc 823

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 18:

20

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1082 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

25

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

30

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

35

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 18

45 gggcgccacat aaggtgtgac cttttcattc ccgttggtat ggagggccac atctgccaga 60
 gcctggagtc tgcgaaggcc gggaccgggt tccccggccc acagtggggg tgtgcaaacc 120
 cgagagaact ggtcgctgaa acctctacaa cttagttgac cgtaactgcc agagccctgc 180
 cctgaattcc tgtccttact ccctctttaa gattgcgtac ccaactgcaga gtgctgaaga 240
 cggggtagcc acgaggttgc aaattcgtga agaatacagca tcatgttttg cagctgagta 300
 ttggagccag gagcctgcca tgaggttttg agaacagagt gctgttttag agctggcagc 360
 agcatctcag cccaagagaa ggttatattc ccagaggatg tcagtcccaa ggaccagtag 420
 50 ctgccatcag tttggattct gaaaactaac tggcatcaac actgggtgta gaaacatgct 480
 tgcttatgt atcagaggac atgctcagca gatccaagag atatatattg caactttttc 540
 tagaaaaggc acattgggta tcattcatta cattcttgag tttttttggg tttttttttt 600
 ttttttttga gacagtcttg ctgtattgcc caggctggag tgtgggtggc caatcacagc 660
 tcattgcata ctcaatcacc caggcctaag caatcctccc acctgttagc tgggactaca 720
 55 gctcacagca cacctggcta aaattttttt tttgttgaga cggattctct atgttgccca 780
 ggctggcttc aggtccttgg gctcagatgg tcctcctgcc tcagcttcca aaggcacagg 840
 ccaagttgta ,gctttgtccc ttgccatcat gcccacaag aggttctata ctttttaagt 900


```

aattgacttt cataaatt ttatgttggt gggcaagtgc ttttaag aaattgtaaa 960
ttcctcctga aatgttt catgcagtta ccatgaacta atacta aaaggatgggt1020
cttgggtgtc aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaagaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa1080
aa 1082

```

5

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 19:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 1548 Basenpaare
 (B) TYP: Nukleinsäure
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

10

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

15

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

20

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
 (C) ORGAN:

25

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 19

```

30 cccattccat agggaaatgag ctgggctgtc ctttctcccc acgttcacct gcacttcggt 60
agagagcagt gttcacatgc cacaccacaa gatccccaca atgacataac tccattcaga 120
gactggcggtg actgggctgg gtctccccac ccccccttc agctcttgta tcaactcaga 180
tctggcagcc agttccgtcc tgacagagtt cacagcatat attggtggat tcttgctccat 240
agtgcactctg ctttaagaat taacgaaagc agtgtcaaga cagtaaggat tcaaaccatt 300
35 tgccaaaaat gagtctaagt gcatttactc tcttctggc attgattggt ggtaccagtg 360
gccagtacta tgattatgat tttccctat caatttatgg gcaatcatca ccaaactgtg 420
caccagaatg taactgccct gaaagctacc caagtgccat gtactgtgat gagctgaaat 480
tgaaaagtgt accaatgggt cctcctggaa tcaagtatct ttaccttagg aataaccaga 540
ttgaccatat tgatgaaaag gcctttgaga atgtaactga tctgcagtgg ctcattctag 600
atcacaaact tctagaaaac tccaagataa aaggagagat tttctctaaa ttgaaacaac 660
tgaagaagct gcatataaac cacaacaacc tgacagagtc tgtgggcccc cttcccaaat 720
ctctggagga tctgcagctt actcataaca agatcacaaa gctgggctct tttgaaggat 780
tggtaaacct gaccttcac cactctccagc acaatcggct gaaagaggat gctgtttcag 840
ctgcttttaa aggtctttaa tcaactgaat accttgactt gagcttcaat cagatagcca 900
45 gactgccttc tgggtctcct gtctctcttc taactctcta cttagacaac aataagatca 960
gcaacatccc tgatgagtat ttcaagcgtt ttaatgcatt gcagtatctg cgtttatctc1020
acaacgaact ggctgatagt ggaataacct gaaattcttt caatgtgtca tccctgggtg1080
agctggatct gtcctataac aagcttaaaa acataccaac tgtcaatgaa aaccttgaaa1140
actattacct ggaggtcaat caacttgaga agtttgacat aaagagcttc tgcaagatcc1200
50 tggggccatt atcctactcc aagatcaagc atttgcgttt ggatggcaat cgcactctcag1260
aaaccagtct tccaccggat atgtatgaat gtctacgtgt tgctaacgaa gtcactctta1320
attaatatct gtatcctgga acaatatatt atggttatgt ttttctgtgt gtcagttttc1380
atagtatcca tattttatta ctgtttatta cttccatgaa ttttaaaatc tgagggaaat1440
gttttgtaaa cattttattt tttttaagg aaaaggatgg aaaggccagg gcctaatttc1500
55 catccaccaa ggaacacacc acattattcc acggaatagg ccatcggg 1548

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 20:

THIS PAGE BLANK (USPTO)